

ある 「負け組科学者」 の 人生の記録

著者： 江澤 潔

(2020/10/07初稿；2020/10/13&20改定)

[この文書は**パブリック・ドメイン**として公開します。

ここに書かれた内容は

(法律や引用文献等からの制限に従う限り)

自由に配布や再利用して頂いて結構です。]

0、はじめに

私の名前は 江澤 潔。
しがた自然科学者である（あった）（ORCID: 0000-0003-4906-8578）。
私は1996年3月に（最初の）博士号を取ってから、
国内（および海外一回）を転々として、今日に至った。
「新たな研究の場を求めて」等と言うと多少聞こえが良いかも知れないが、
何のことはない、
ただ、安定した（研究もしくは教育）職に就けなかっただけの事である。
世間一般でよく使う
「勝ち組」「負け組」という俗な分類を当てはめるならば、
私は「負け組」に分類されるのであろう。

そんな、「**負け組科学者**」である私が何故、こんな「**人生の記録**」を残しているのか？

と問われると、それには少なくとも**三つの理由（目的）**がある。

一つ目は、
私を不当に「悪者」に仕立て上げようとする「謀略」に対する予防線を張る為である。

古今東西、歴史は「勝者」達によって記録され、その結果、
「死人に口なし」をいいことに、
「敗者」達は「勝者」達により、不当に「悪者」に仕立て上げられ、
「勝者」達が民衆を支配する正当化に利用されて来た。

日本でも、蘇我入鹿、平将門、明智光秀、石田三成、近藤勇、会津藩、西郷隆盛、
等、枚挙にいとまがない。
そして、一旦、「悪者」に仕立てたて上げられると、「名誉回復」には、
短くても数十年以上の地道な努力、あるいは数百年から千年以上後の「偶発の発見」を要した。

しかし、この情報網が発達した現代に、私はそんな目に遭わされるつもりはない。

私はこの後、自分の「誠実（まこと）」を貫くために（やむなく）自害するが、
その前に、私の「最後の研究成果」
（「論文リスト」の論文 no. 28 & 29 & 30、および2つのプログラムパッケージ；まとめて「**ANEX**」と呼ぶ）を
オープンソースとして公開した（<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/> で入手可能）。
悲しい事に、
私、および／もしくは、この「最後の研究成果」が（不当な理由で）気に入らない連中はこの世の中に沢山いる。
連中は、私の死後、
恐らくあの手この手を使って私もしくはこの「最後の研究成果」を不当に貶めよう
としてくるが、
それを「予防」する為、私は、この「最後の研究成果」の簡単な説明を残すと共に、
私の人生、特に最近数年間、に起きた事を正直かつかなり詳細に書き残し、
その「証拠」を揃えておくこととする。
これにより、
連中が私を不当に貶めようとしたら、この記録（&「証拠」）が「カウンターパンチ」となって、
彼（女）ら自身を貶める事となるのだ！

二つ目は、
よく本屋の店頭等で見かける「**勝ち組**」達の「**勝利へのレシピ（or 方程式）**」へのアンチテーゼ
を提示し、「勝利」に本当に必要なものを知る助けにする為である。

巷には、「勝利への方程式」とかその様な類の本が溢れかえっているが、
そんなものにはほとんど意味がない（もっと正確に言うと、「汎用性」がない）のは、
それを買って読んだ人々の大半が「成功」していないことからほぼ明らかである。
（これはもうほとんど「実験結果」に等しい。）

問題は、「何故意味がないのか？」であるが、それには少なくとも二つ理由が考えられる：

(い) 筆者達 (つまり「勝者」達) は、実は何か知られたくない「**不都合な真実**」 (あるいは「**黒い秘訣**」) を隠している；
(ろ) 実は、彼 (女) らの「勝利」は、本に書かれた「方程式」だけではなく、
何か偶然的要素 (あるいは**外部要因**、もしくは筆者自身の**類まれな才能**) に強く依存していた。

ここではこれ以上深入りするつもりはない。
どちら (もしくは両方) が当てはまるかどうかは、恐らく、個々のケースによって変わってくるであろう。
しかし、いずれにせよ、「勝利の決定的要因」を知るためには、
「勝者」達の (しかも「自己申告」の) 体験談を調べるだけでは不十分なのは明らかである。
むしろ、「敗者」達の体験談をそこに「重ね合わせる」事により、
何か「あぶり出されるもの」があるかも知れない。

そういった意味で、私は、「**敗者**」の「**人生の記録**」も残しておく事に価値があると思っている。
(これは、研究で「成功」の記録だけでなく、「失敗」の記録も残すことが、実は非常に大切であることと似ている。)

もちろん、普段から怠けてばかりで何もしていなかった「敗者」達の記録を残してもあまり意味はないだろう。
しかしながら、私は少なくとも中学生の頃からずっと「**人一倍**」勤勉に努力して来た。
(それは、私を知る人々 (ただし、上記の私を貶めようとしている連中は除く) に尋ねてみれば明らかであろう。)
だからこそ、
私は「負け組」ではあっても、この様な目的で「人生の記録」を残す「資格」は十分にあると自負する。

[
私は、約四半世紀にわたる研究生活の中で、peer-review つき国際学術雑誌に掲載された
25本の論文の著者となった。(「論文リスト」参照 (注：そこには未掲載論文も4本ある)。)
これは、今日の (公募) 基準と較べると少ないと思うかも知れないが、
その中の、単著論文の数 (13本) だけで見れば、
地方大学の若手教授あるいは准教授に引けを取らないだろうと推測している。
(私の全論文数が少ないのは、主に、対人コミュニケーション能力とコンピュータ操作能力が
欠けていたせいである、と自己分析している。)
つまり、「(PI ではなくて単なる) 研究者」としての資質は十分にあった筈だ、と自負している。
]

三つ目は、
私の「失敗例」を示す事により、**現代日本社会の問題点**をあぶり出す為である。

どうやら私は、睡眠障害、コミュニケーション障害、発達障害等、
幾つかの「目に見えない (あるいは見えにくい) 障害」を抱えている様である。
そして、私の「人生の失敗」も、これら「目に見えない障害」が、
少なくとも間接的には関わっていたのではないかと疑っている。

[
特に、最近数年間の「奇妙な出来事」 (「私に起こった出来事」参照) には、
恐らく私のこれら「目に見えない障害」に対する周囲の不理解が絡んでいると思われる。
]

こう言った「目に見えない障害」は、ようやく最近になって人々に認識される様になって来た
(そしてそれにより、私も自分がそうなのでは? と疑えた) が、
まだまだ社会的認知 (そして容認) が広まっているとは言い難い。

それでなくとも、日本はこれまで「均質志向」の社会だったから、
私の様に「変わった者」には生きづらい社会であった。

私の具体的な「失敗例」が、
「この社会をどうに改めていけば良いのか?」を考えるきっかけになったら幸いである。

ここで、**この記録の構成**について少し説明する。

この記録の中心部分は、
「**2、私に起こった出来事**」であるが、
その前の導入として、「**1、吾が人生の概要**」を記述し、
また、「私に起こった出来事」の後には、

「3、まとめと論考」（あり得た選択肢を考察）、
「4、論考2」（背景にある日本社会の問題を考察）、
と続き、最後に「5、結論」で締めくくる。

また、この記録は、多くの「補遺」を伴っている。

「補遺A：懺悔（ざんげ）（一般編）」、
「補遺B：懺悔（ざんげ）（研究関連）」、および
「補遺C：論文に絡む『不正』の可能性」

では、私が（本編で）正直に記述していることの「傍証」として、
過去に私が犯してまだ清算されてない「罪」について、
（覚えている限り）洗いざらい告白し、懺悔する。

「補遺D：私の犯した（研究関係の）間違い（失敗）」

では、私が犯した研究関係の（数少ない）間違い／失敗を振り返る。

「補遺E：コンピュータ時代における研究の『落とし穴』」

では、コンピュータ時代における研究に潜む「落とし穴」を暴き、研究者（志望者）たちに警鐘を鳴らす。

「補遺F：生活様式の変遷」

では、小学生から今日までの生活様式の変遷を（覚えている限りで）記録する。

「補遺G：私が『恋した』女性達」

では、私がその生涯において特に好きだった女性達を振り返る。

「補遺H：私が好きだったアイドル、女優、女子アナ、お天気キャスター達」

、、、読んで字のごとし!! 私がどんな人物かを知る上では欠かせない（、、、かも知れない）。

「補遺I：論文リスト」

では、私が過去に執筆した（あるいは筆者になっている）非冗長な論文のリストを示す。

「補遺J：論文の手短な説明」

では、「補遺I：論文リスト」で示した論文について手短かに説明する。

最後に、

「補遺K：やっておきたかった事」

では、私にもっと時間もしくは能力があったら、
やっておきたかった（研究に関する）事について語る。

最後になるが、

「負け組」とはいえども、

私は、この五十二年ちょっとの間、多くの人々に支えられて生きて来た。

家族、親類はもちろんとして、近所のおじさんおばさん達、
幼稚園&小中高等学校の時の先生方や先輩同輩後輩達、
大阪大学（大阪大：教養、学部、大学院）での先生方や先輩同輩後輩達、
阪大合気道部の部員達やOB&OG達をはじめ合気道の指導員の先生型や生徒の方々、
基礎物理学研究所そして名古屋大学大学院での先生方や同僚をはじめとする皆様方、
京都および名古屋における居合道の先生方や生徒の方々、
ヒューストンの Cougar Aikido の仲間達、
赤井塾や名古屋大生協北部食堂をはじめアルバイト先の皆様方、
二度に渡る分野転向（素粒子論＞理論生物物理学＞分子進化学／進化遺伝学／集団遺伝学）に際しお世話になったの方々、
度重なる引っ越し（秩父（実家）＞川西＞池田＞京都＞名古屋＞三島＞ヒューストン
＞横須賀＞飯塚1＞飯塚2＞秩父（実家）＞秩父（アパート）＞秩父（実家））
の際に、および引っ越し先で、お世話になったの方々。
遺伝研、University of Houston、総研大葉山、そして九州工業大学での先生方や同僚をはじめとする皆様方、
等、挙げればきりが無い。

この場を借りて、改めて、これらお世話になった全ての皆様方に、心よりお礼申し上げます。

それから、私に対して期待をしていた方々へ：

私は友人や知り合いに「ノーベル賞を取ってね」とか言われることが度々あった。
恐らく、社交辞令か冗談かもしくははからかってだろうとは思いますが、
もし仮に、
一人でも本気で期待してた方々がおられたならば、ご期待に沿えなかった事を、心よりお詫び申し上げます。

、、、私は一生を通じて、全身全霊、精一杯頑張ったのだが、
どうやら、私はノーベル賞を受賞できる様な「器」ではなかった様だ、、、、。

（しかしながら、私の「最後の研究成果」（ANEX）は、
そのままではまだノーベル賞に及ばないかもしれないが、
今後更に発展させれば、ノーベル賞も夢ではないと思っている。、、、後に続く研究者達に期待する。）

[
注：“Sequence Alignment”の和訳としての「配列並び」「配列並べ」の提案。

相同配列解析や分子進化解析で使われる“sequence alignment”という重要な
データ形式、あるいはそれを生成する手法、がある。
（それは配列（横書き）を縦に並べ、祖先を共有する残基が一列に並ぶ様に、ギャップ（'-'）を
挿入したものである。）

よく（日本語の）本等でみかける訳語は、「配列アラインメント」あるいは「配列整列」であるが、
前者は一般日本人には何のことか訳がわからない（つまり専門家にしか通じない）し、
後者はちょっと固すぎるイメージを与える。（中国人だったら、それでも良いかも知れないが、、、。）

然るに、（私の経験では、）
英語の単語、“alignment”（あるいはその動詞形、“align”）は、
単に「（きれいに）並ぶ（並べる）（こと）」を意味する、俗な言葉であり、
例えば「歯並び」や街路樹が並んでいる様子を表すなど、日常的にもよく使われている。
従って、英語のネイティブスピーカーにとっては、“sequence alignment”と聞けば、
素人でもすぐに何となくイメージが湧いている筈である。

そこで、このネイティブスピーカーの感じるイメージに近づける為に、

“sequence alignment”の訳語として、
データ形式を表す時は「配列並び」、
その生成手法を表す時は「配列並べ」
を使う事を提案する。

こうすれば、素人にも何となくイメージが湧く上に、
「並び（べ）」はやまと言葉であるから、
一般日本人にとっても馴染みやすい筈である。

同様に、“multiple sequence alignment”（MSA）の訳語として「多（数）配列並び（べ）」を、
“pairwise (sequence) alignment”（PWA）の訳語として「配列対並び（べ）」を、
用いる事を提案する。

こうすることにより、この科学分野と一般大衆の間の距離が少しでも縮まれば幸いである。

]

目次 (Table of Contents)

0、はじめに (0.preface.rtf)	p. 2 -
[注 : “Sequence Alignment” の和訳としての「配列並び」「配列並べ」の提案。]	p. 5
目次	pp. 6 - 8
1、吾が人生の概要 (1.summary_of_life.rtf)	p. 9 -
<< 吾が人生の概要 (スポーツ&恋愛編) >>	p. 9 -
<< 吾が人生の概要 (学問編) >>	p. 10 -
<< 吾が人生の概要 (体調不良&障害編) >>	p. 19 -
2、私に起こった出来事 (2.Events.rtf)	p. 24 -
[1999/04: 分野変更 (素粒子論 > 理論生物物理)]	p. 24 -
[2002/07: 分野変更 (理論生物物理 > 遺伝学 (分子進化学))]	p. 26 -
[2004/11 — 2008/03: (仮称) ゲノムワイド遺伝子相互作用網プロジェクト (GGINP)]	p. 27 -
[2009/09 — 2011/06: University of Houston (UH) での多配列並べ (MSA) 誤り修正プロジェクト]	p. 31 -
[2011/07 — 2013/04: 総研大葉山での集団遺伝学の研究]	p. 36
[2013/04 — 2016/09: 九州工業大学 (九工大) での多配列並べ (MSA) の研究]	p. 36 -
[2016/10 — 2020/06: 秩父での統計的 MSA プログラム (ANEX) の開発]	p. 49 -
[ANEX 開発再開] (大体 2018/09/15 辺りから)	p. 73 -
[ANEX 研究開発の背景&動機]	p. 73 -
[もっと簡単な背景&動機の説明]	p. 75 -
[論文執筆 (2020/06/07 — 2020/07/31)]	p. 82 -
[ANEX に込められた思い]	p. 85 -
[[参考文献]]	p. 90
3、まとめと論考 (3.summary&discussions.rtf)	p. 91 -
4、論考 2 : 日本社会の抱える問題点 (4.discussions2.rtf)	p. 100 -
5、結論 : 真の「One Team」を目指せ ! (5.conclusions.rtf)	p. 103 -
補遺A : 懺悔 (ざんげ) (一般編) (A.Repenting_Myself_General.rtf)	p. 105 -
補遺B : 懺悔 (ざんげ) (研究関連) (B.Repenting_Myself_Study_Related.rtf)	p. 115 -
補遺C : 論文に絡む『不正』の可能性 (C.possible_misconducts_on_papers.rtf)	p. 120 -
補遺D : 私の犯した (研究関係の) 間違い (失敗) (D.My_Mistakes.rtf)	p. 130 -
< 失敗 1 : 組み替え (および連鎖) の集団遺伝学でのミス >	p. 131
< 失敗 2 : Excel の取り扱いの失敗 >	p. 131 -

< 失敗3：骨（関連）細胞の起源に関する奇妙な仮説 >

p. 132 -

補遺E：コンピュータ時代における研究の『落とし穴』 (E.pitfalls_under_studies_in_Computer_Age.rtf)

p. 133 -

(1) 非現実的なシミュレーション等の使用

p. 133 -

(2) 隠れた間違いの可能性（ソフトウェア使用法編）

p. 134 -

(3) 隠れた間違いの可能性（実装、数式、アルゴリズム編）

p. 136 -

(4) 不正のチェックの難しさ

p. 137 -

補遺F：生活様式の変遷 (F.LifeStyle_Evolution.rtf)

p. 138 -

< 小学生時代 (1975.4 - 1981.3) >

< 中学生時代 (1981.4 - 1984.3) >

< 高校生時代 (1984.4 - 1987.3) >

< 大阪大学時代（教養&学部） (1987.4 - 1991.3) >

< 大阪大学大学院理学研究科時代 (1991.4 - 1996.3) >

< 京大基礎物理学研究所（基研）時代 (1996.4 - 1999.3) >

< 名古屋大学大学院理学研究科物理学教室時代 (1999.4 - 2002.6) >

< 国立遺伝学研究所（遺伝研）時代 (2002.7 - 2009.9) >

< University of Houston (UH) 時代 (2009.9 - 2011.6) >

< 総研大葉山時代 (2011.7 - 2013.4) >

< 九州工業大学時代 (2013.4 - 2016.9) >

< 秩父（実家）時代1 (2016.10 - 2017.11) >

< 秩父（アパート）時代 (2017.11 - 2019.10) >

< 秩父（実家）時代2 (2019.11 - 2020.9) >

< 補足 >

補遺G：私が『恋した』女性達 (G.Girls&Women_I_had_crush_on.rtf)

p. 149 -

< 私を構ってくれた or 私が気にかけた 女性達 >

p. 153 -

補遺H：私が好きだったアイドル、女優、女子アナ、お天気キャスター達 (H.Idols&Actresses&Casters_I_Loved.rtf)

p. 155 -

< アイドル／女優 >

p. 156 -

< 女子アナ／お天気キャスター >

p. 165 -

補遺I：論文リスト (I.list_of_papers.rtf)

p. 169 -

補遺J：論文の手短な説明 (J.short_descriptions_of_papers.rtf)

p. 172 -

補遺K：やっておきたかった事 (K.What_I_Wanted_To_Do.rtf)

p. 190 -

< ANEX プロジェクトの「論文」D >

p. 190 -

< ANEX プロジェクトの総説／解説書（一般、遺伝学者、生命情報学者向け） >

p. 194

< ANEX プロジェクトの総説（理論物理学者向け） >	p. 194 -
< ANEX 主要サブルーチン（複数ギャップ.ブロックの同時シフトの網羅的実行）のギャップ.ブロックをもっと積極的に用いた書き換え >	p. 195 -
< MSA の各ギャップあり区間を縦に（即ち系統的に）細分割して取り扱える様な、ANEX の拡張 >	p. 197
< 遺伝子の始めからの生成（創造）（de novo creation）に挿入／欠失が関与する度合いの調査 >	p. 197 -
< 大規模ゲノム配列解析による、挿入／欠失および重複、逆位、転座等のゲノム再編成の（規模、距離等の）頻度分布の作成 >	p. 198 -
< 集団の内在的二重構造を勘案した集団遺伝学理論 >	p. 199 -
< 重複遺伝子の「初期状態」に関する研究 >	p. 200 -
< 重複遺伝子（あるいは遺伝子族）の協調進化モデルと birth-death モデルを包含（もしくは内挿）する「統一的な」（経験的）進化モデルの構築 >	p. 201 -
< 生物学を経験的&統一的に記述する「熱力学みたいな何か」の構築 >	p. 202 -
< 物質&エネルギーと遺伝情報を結合させた非平衡開放系の「新しい物理学」 >	p. 205 -

1、吾が人生の概要

以下、「スポーツ&恋愛編」と「学問編」および「体調不良&障害編」に分けて記述する。

<< 吾が人生の概要（スポーツ&恋愛編） >>

私は小さい頃から結構、スポーツが好きであったが、
（同年代と比較して）運動神経が抜群に良い訳ではなかった。
（小学校の運動会での徒競走では、8人中3～5位がほとんどで、
たまに2位になると嬉しかった。）

小中学生の頃は、
地域の少年団のサッカーや野球のチームによく参加したが、
大抵は、補欠、あるいは（2軍があれば）2軍の補欠だった。

野球が好きだった私は甲子園などを夢見て、
中学校のクラブ（課外部活動）では野球部に所属していたが、
三年生になってもレギュラーはおろか、背番号すらもらえなかった。

（当時、高校野球で「最強」だった）
PL学園の清原選手と桑田選手を球児のピラミッドの「頂点」に例えるならば、
**私なんかは、
ピラミッドの底辺を、更に下から支える大地の中の、一つまみの土くれの様なもんだった。**

高校に入ると、
（片道1時間弱の電車通学で、
野球部だと帰宅が遅くなりすぎて学業がおろそかになると判断して断念し、）
まず、（終わるのが比較的早い）ハンドボール同好会に入ったが、
手が小さくてボールがうまく扱えない上に、
攻守が目まぐるしく変わるその展開の速さに目が廻りそうだったので、
これはちょっと無理だと諦めた。
、、、つくづく、自分自身のトロさを恨んだ、、、。

（今考えてみれば、私は、サッカーやバスケットボール等、攻守が目まぐるしく入れ替わる
団体競技はことごとく苦手だった。（多分、不器用なのと周りがよく見えていないせいである。
また、ひょっとしたら、（睡眠もしくは発達）障害とも関係あるかも知れない。））

その後、中学の頃にマツ運動や鉄棒が多少得意だったのを思い出し、
体操競技部に入部した。
（入部前は、（身の程知らずな事に、）
友人に「国体で3位に入り、早稲田に推薦で入学する」とか豪語していた。）
しかし、
これが実は、部員は（引退寸前の）三年生1人だけの「廃部」寸前のクラブで、
入部後は一人だけで練習したが、補助や見てくれる者もない状況では、あまり上達は望めなかった。
その後、友人が数人、「幽霊部員」として入部してくれた為、廃部は免れたものの、
国体はおろか、地方予選にすら出場できない弱小チームだった。

（当時、オリンピックの体操競技の金メダリストとして一名を馳せた）
具志堅選手や森末選手を、ハワイのビッグウェーブの間を華麗に飛び交うトビウオに例えるならば、
**私なんかは、
マリアナ海溝の海底を這いずり回る、摩訶不思議な深海生物の様なもんだった。**

こんな私が、女性にモテる筈もない。

バレンタインデーでは、本命チョコは当然もらったことはないし、
（女性の知り合いは結構いるにも関わらず、）
義理チョコすら、ササメ竹に花が咲く位（くらい）の頻度でしかもらえなかった。
そして、義理チョコすらもらえない年には、「**人間失格**」の烙印を押された様な気分になった。
紛れもなく、バレンタインデーは、私にとって**一年で最も嫌いな一日**であった。

(私は、この日本独特の風習を考えて広めたお菓子会社の人間を、一生恨み続けていた。)

[

、、、一体、何がいけないんだろう？

「スケベそうな〇〇 no. 1」にも選ばれたことのある、この「スケベ面（づら）」がいけないんだろうか？

、、、確かに、私も女体には興味あるし、

エロ本／ビデオ／DVD／動画の類には時々手を出すし、また、一時期、未修正ものを入手した事もあるのは認める。

、、、しかし、決して「人一倍スケベ」ではないと思うぞ！！

]

そして、**卒業式の日**には、、、

♪制服の胸のボタンを下級生からねだられて、

本当はうれしいクセして、頭掻きながら逃げ回る♪

[注：「卒業」（唄：斉藤由貴；作詞：松本隆；作曲：筒美京平）を少しアレンジ]

、、、

、、、**そんな同級生達を羨望（せんぼう）の眼差して睨みつけながら、**

「チッ」と舌打ちして、一人寂しく家路に着くのであった。

かくして、アスリートとして身を立てる夢破れた私は、

大学に入ってから、あくまで趣味として運動（&武道）を嗜（たしな）む様になった。

大阪大学では合気道部に所属し、（師範や指導員の先生方や先輩達の指導のおかげもあって）

無事現役の三年間を終え、その三年後（1993年頃）には二段を取得した。

また、大阪大学の大学院の頃は、よく（信州方面に）スキーに出かけ、

しばしば1日スキー教室などに参加し、普通のコブ斜面をウェーデルンで降りられる程度までにはなった。

また、京都にいた1998年冬からは、居合道（伯耆流）を始め、名古屋に移った後も続け、

（これも指導員の先生方や先輩達のお陰もあって）2001年には二段を取得した。

しかしながら、2002年7月に三島に移って以降は、研究（というよりも、むしろ、**「コンピュータとの格闘」**）

の為に他の時間がまったく取れなくなり、これら運動（&武道）も断念せざるを得なくなって、

（合気道だけはヒューストンにいた2年弱の間だけ再開したが帰国後すぐ止め）そのまま現在まで至ってしまった。

そんな私も、（不本意ながらも）生涯**「独身、童貞、彼女なし」**を貫いたまま、

52年とちょっとの人生を閉じることとなった。

[

まあ、結果論として、それで良かったのかも知れない。

もし、万が一、私が誰かと結婚もしくは同棲でもしていたら、

きっと、太田裕美さんの「しあわせ未満」（作詞：松本隆；作曲：筒美京平；編曲：萩田光雄）

のようになっていただろうから、、、（笑）。

]

<< 吾が人生の概要（学問編） >>

[注意：

以下、思いの外長くなってしまったので、(^_^)

もしも読み疲れたら（あるいは読み飽きたら）、

スクロールして、**[[まとめのまとめ（1, 2, 3）]]**

だけお読みください。

（本当はそれだけで充分だとも言えるが、もっと具体的に記述した方が信憑性が増すと思った。）

]

「だ埼玉の秘境」秩父の中でも市街の外れにあった私の家の近所には、

畑や野原、そして池や田んぼがあり、また、ちょっと離れた川原沿いには、雑木林が広がっていた。

そんな環境のもとで育った私は、

小さい頃から、（友達と一緒に、あるいは一人で）

畑や野原ではチョウやバッタやカマキリ等の昆虫を、

池や田んぼではコオイムシ等の水生昆虫やドジョウやザリガニやオタマジャクシ等を、

そして雑木林ではカブトムシやクワガタ等を、

捕まえたりして楽しんだものだった。

この、「**自然とたわむれた**」**原体験**が、恐らく後の、「自然科学に携わりたい」という願望の原点となった。

一方、私が3人きょうだいの末っ子で、7歳年上の兄と5歳年上の姉がいるという環境が、私をいささか「ませた」子供にした事は否めない。特に、まだ幼稚園に行くかどうかぐらいの幼い時期から、兄や姉が取っていた学研の「科学」の雑誌や付録等（特に記憶にあるのが「恐竜図鑑」みたいなやつ）、あるいは彼（女）らが持っていた図鑑等、を祖母に読み聞かせてもらってそれを興味深く聞いているうちに様々な科学的知識を（断片的ながらも）身につける様になった可能性はある。

[
それ以外にも、何故か私の家には（「歯」やら「血」やらの）人体関係の絵本が転がっており、私もしばしば読んだ。（その割には、あまり幼児向け文学作品の絵本はなかった。）
、、、父が私を医者にしたがっていた様なので、ひょっとしたら父の「陰謀」だったのかも知れない。
]

小学校に上がってからは、自分で学研の「科学」を取る様になり、（多分、そこに載ってるマンガが好きだったので）その雑誌を貪る様に読み、また、しばしば「学研マンガ 秘密シリーズ」を買ったり、友達に借りたりして読んだので、これで私は（あくまでも子供向けながらも）ある程度、体系化された科学の知識を身につけた。

そのほかにも、「ファール昆虫記」やその他科学関連の本を学校の図書室で借りて読んだりした。
[一方、小説等の文学作品もたまには借りたが、その頻度は比較的低かった。]
また、小学校高学年頃からは、ブルーバックス等も読む様になった。
[ちなみに、（純粋な）マンガも結構読んだ。（ほとんどは本屋で立ち読み）]

この様に、**科学（あるいは理科）には常に興味があった**ので、学校の成績も良かった。それにつられてか（あるいは、そろばんの成果か）、算数（数学）の成績も良かった。（いつの頃からかは定かではないが、）**数学の論理的思考能力**もいつの間にやら身についていた。例えば、（確か）中学2年の時にはピタゴラスの定理の証明法を自ら思いついた。（よく参考書などに載っている、正方形の辺の内側に直角三角形を置く方法ではなく、直角三角形の直角から斜辺に引いた垂線によって出来た2つの相似な直角三角形を利用する方法である。）

他方で、何故か、**私は実験が（あるいは機械をいじるのが）苦手だった**。

今でも忘れられない失敗談として、「**地獄のアーケ灯実験**」がある。
[**警告**：
以下、良い子はマネしないように！（バカリズム流に言うなら、「マネしないのが、良い子です！」）]
確か小学3～5年生の頃、何かの本に書いてあったアーケ灯の実験をしてみようと、乾電池のプラス極を引っっこ抜いて手に入れた炭素棒2本と、何かの家電に使われていた（と思われる）延長コード（コンセント側差し込み端付き）を用意した。そして、延長コードの家電側の2本のビニール被覆導線を分けて先の被覆を剥ぎ、それぞれに炭素棒一本ずつをつなげた。そして、（（何故か）家族全員が見守る中、）延長コードをコンセントに差し込んで、二本の炭素棒をいきなり互にくっつけたのだ！

パチパチパチッ！と言う音と眩い（まばゆい）閃光と共に火花が飛び散り、私はびっくりして炭素棒を離して落としてしまった。炭素棒は折れて、床に敷いてあったムシロ様のプラスチックの敷物の上に落ち、敷物は焼け焦げて穴が空いてしまい、そこから煙がもうもうと立ち込めた。（多分、何かやり方が間違っていた筈なのだが、今となっては何がマズかったのかはよく分からない。）

今思うと、よく（私は）感電しなかった、よく火事にならなかった、と思うが、これはかなりの**トラウマ体験**となった。その時に出来た敷物の穴は、その後しばらくそのまま残され、その焼け焦げた穴を見るたびに、私はその「苦い体験」を思い起こすのであった。
[

私が実験や機械をいじるのが苦手な理由として、一つ思いあたるのが、
私が（プラモデルや工作物等）何かを作ろう（あるいは操作しよう）としても、
父や兄が全部やってくれて私はただ見守るだけだった、
という記憶である。
多分、父や兄は私を可愛いがってやってくれただけなのだと思うが、
結果的に私はその手のものを作る機会（&経験）を多々奪われることとなった。
（これは、なんと言うか、可愛い女の子が、
周りの男どもがチヤホヤして何でもやってくれる為に、
結果として何もできない「無能」になってしまうのと、似ているのかも知れない。）
あとは、
先天的な何か（特に発達障害（的性向））と関係あるのかも知れない。
]

いずれにせよ、私は「**メカが苦手な男子**」に育っていった。
[
高校では、友人の一部が**パソコン**にはまっている様であったが、
メカの苦手な**私は興味を示さなかった**。
]

高校に入って初めの理科は、生物だったのだが、
そこでの最初の実験で、**私が顕微鏡をまともに操作できないのを見た教師にバカにされた**。
その時点では、私は恐らく「ダメな奴」とその教師に思われていたが、
すぐに「名誉挽回」のチャンスが訪れた：
その後の、**遺伝学**の「序説」の様な授業で、私はその**論理的思考能力**を発揮したのだ。
私は、（特に以前に何かで学んだ訳ではなかったが）その場で授業内容（あるいは質問内容）を理解し、
質問に即興で答えることができた。
特に、「優性の表現型を示す個体の遺伝型が優性ホモかヘテロかを見分けるにはどうしたら良いか？」
という問いに対し、即興で「劣勢ホモと掛け合わせて、出来た子供の表現型を調べれば良い」という、
「**検定交雑**」の手法を答えてからは、**その教師も私のことを見直してくれた**様である。
（その他にも、即興で Hardy-Weinberg の法則と同様の公式を編み出し、それを使って、
表現型劣勢の個体の割合から劣勢単数体の割合を求める公式も「自作」したりした。）

高校三年のときの物理では、更に進み、
（確か当時のカリキュラムではなかった筈の）
物理の問題に（当時数学で習ったばかりの）**微積分**を応用することが普通に出来た。
（ちなみに、事前に何かの本を読んだりして学んだ訳ではない。）
特に、力学の運動方程式や、電気回路の問題などは、簡単な**微分方程式**を立てて解くことが出来た。

私は、高校の時は通信添削を受講しており、一年では進研ゼミを、二、三年ではZ会を受けていたが、
ある時、Z会の数学の問題を解くために、
（誰に教わるでもなく）**偏微分**にあたる手法を自分で編み出したりもした。

言ってしまうと、私の、**数学の新しい公式や手法を（正しく）考案し（適切に）適用する能力**は、
高校の頃には既に萌芽&発展し始めていたと言える。

ちなみに、私は高校3年の時に、
某大手予備校（Sでなかったことは確かである、多分Yの筈だがもしかしたらKかも知れない）
で行われた、某名門国立大学（旧帝大）志望者の為の全国模試に参加したが、
私は**数学**（もしかしたら物理だったかも知れない）で、**偏差値95**を取った。
（記憶があいまいで、実際には94か96だったかも知れないが、90を優に超えていたのは間違いない。）
偏差値95というのは、（正規分布の近似が良いと仮定して）約30万人に一人の高成績という事である。
[
（ちょっと乱暴だが）これを当時（1987年）の全大学受験者数（約78万人）に適用すると、
全国で二位もしくは三位に相当する。
]
もちろん、単に「まぐれ当たり」だった可能性は否定できないが、
これは（自分を不当に低く評価しがちだった）当時の私に**大きな自信と心の抛り所**を与えてくれる結果だった。

そして、その年度（1987年3月）、私は無事、第一志望の**大阪大学理学部物理学科**に現役合格を果たした。
[
東大は、周りの人間がやたらと「崇拜」しているので好かんかった。（今は当時ほどの「アレルギー」はない。）

京大は、当時既にノーベル賞受賞者を多数輩出していたので、私が将来ノーベル賞を取った時に埋没してしまうと感じた。（今思うと、ものすごく身の程知らずであった。）上記二つを除いて、（当時の私の情報収集の結果では、）（当時）私のやりたかった素粒子／原子核の研究で最高の大学は大阪大学と出た。（何故か、（素粒子で有名な）名古屋大学は考慮から漏れていた。）

大阪大学の良いところは、授業を真面目にやるところである。
（真面目にやらない学生は、容赦なく留年させられた。）

一年と二年の前期は、「**教養科目**」として人文、社会系の講義も多く出たが、専門に関連するものとしては、力学（&解析力学）、線形代数、解析学、関数論、統計学、等の講義があった。（力学は演習もあり。）そして、**二年の後期からは専門科目**がほとんどになった。大体、午前中（二限）が講義で、午後の2コマ（三、四限）を使って、午前に講義した科目の演習（もしくは実験）をみっちり行った。（当時、大阪大の授業は、一コマ100分であった。）専門科目は、大体、物理学の「基礎」となる、量子力学、電磁気学、熱学・統計力学、物理数学、であったが、結局、物理学の問題というのは数学を解く事に帰着するので、午後の演習（約200分）は実質的には数学をやっていたことになる。**四年**になると、もっと応用度が上がった、相対性理論、流体&弾性体力学、群論、量子力学（時間依存摂動論、第二量子化等）、等の講義が午前中にあり、午後は、配属された研究室（私の場合は、**森田正夫博士の原子核理論講座**）でのセミナーがあった。セミナーでは、森田正夫著「相対論的量子力学」と Landau Lifshitz 著 “Quantum Mechanics” を読んだ。（後には、Lee & Yang のパリティの破れに関する論文を読んだ。）（改めて、お世話になった森田博士に感謝する。）

〔ちなみに（理論）物理学で「**本（あるいは論文）を読む**」と言う時は、数式の導出を逐一フォローしながら読むことを意味し、場合によっては1ページ読むのに2、3日要することもある。〕

〔ちなみに、この大学四年間は、（クラブ等で飲み会があったりしない限りは）アパートでも「自習」を行っていた。授業の復習をしたり、線形代数、解析学、関数論等の問題集を解いたり、テンソル解析、リーマン幾何学、一般相対性理論等の本を読んだりした。（特に、「詳解 力学／電磁気学／（応用、理論）量子力学／（応用、物理）数学 演習」と久保亮五監修の「大学演習 熱学・統計力学 修訂版」には重宝した。）また、内山龍雄著「一般ゲージ場論序説」を読んだのも、この時期である。〕

〔ちなみに、**内山龍雄博士**は、我が師、吉川圭二博士の「前任者」で、若い頃に非可換ゲージ場に関するすごい理論を構築したが、アメリカで「遊んで」いる間に Yang & Mills に似た様な理論の発表で先を越されてしまい、ノーベル賞を逃した「隠れた天才」である。（理論的には内山の方が Yang=Mills よりも完成度が高かったとも聞く。）、、、ここにも、「**鉄は熱いうちに打て！**」という格言が当てはまる。〕

そして、大学四年の秋に**院試に合格**し、研究室配属希望を出す時、（定年退官が迫っていた）森田博士の後継者である大坪博士に相談したところ、素粒子論の吉川研の方が、私の学びたいこと（素粒子の標準モデル等）は学べるだろう、と言うことで、**吉川研**に希望を出し、配属されることとなった。（改めて、相談に乗ってくれた大坪博士、そして受け入れてくれた吉川圭二博士には心より感謝する。）

〔ちなみに、（1991年3月）学部を卒業する時、私は**楠本賞**を受賞した。〕

これは、各学科において、「成績が最も優秀」だった卒業生に贈られる賞らしい。
(どの様に「成績」を測っていたのかは、私は知らない。)

]

大学院修士一年目は、
数少ない(週2コマ?)講義の他は、
週一回のコロキウム(主に外部の研究者を招待し、その最新研究の発表を聞いた)、
そして週2、3回のセミナーが主な授業だった。
セミナーでは、主に本を輪読し、
九後太一郎著「ゲージ場の量子論 I, II」
と Georgi 著 "Lie Algebras in Particle Physics" 等を読んだ。
また、自分の研究テーマを探す準備として、
単体分割による離散的量子重力、および
Ashtekar 形式による Einstein 重力の正準量子化に関する文献を読まされたり、
他二人の同級生のテーマ関連の文献の説明を聞かされたりした。

[

この時、重力関係の文献をよりよく理解するために、「自習」として、
Misner & Thorne & Wheeler 著 "Gravitation" (電話帳の様に厚い本) の必要な十数章や、
Penrose & Wroldner 著 "Spinors and space-time, vol. 1"
(スピノール (spinor) 場による重力の記述を詳しく説明してある
(ちなみに vol. 2 ではツイスター (twistor) について書いているが、難しくてよく分からなかった記憶がある))
を読む必要があった。(これらは、修士二年にまたがって読んだ。)
また、経路積分を用いた量子化に関する本(吉川&崎田、および Feynman) も「自習」した。
それから、「クォークとレプトン」(ハルツェン&マーチン著、小林&広瀬訳、
場の量子論の専門知識なしでも素粒子論の散乱振幅等を計算できるという、画期的な本)
を読んだのも多分この時期である。
また、その他、素粒子論や場の理論関係の薄い日本語の本(解説書)を数冊読んだ。

]

[

私がある新しい主題を学ぶ際の「**一般戦略**」では、まずその主題に関する薄い本(解説書)を読んで理解の「骨格」
(あるいは「脊索」と言った方が適切か)を作り、
それから(評判高い)分厚い本(解説書)で理解の「骨格」を固め「肉付け」していく。
こうすることにより、いきなり分厚い本を読んで「迷子」になり「途方にくれる」のを防ぐ。

]

大学院修士二年目は、
(正規の)講義はなかった気がするが、
週一回のコロキウム、そして週一、二回のセミナーが主な授業で、
セミナーでは
九後太一郎著「ゲージ場の量子論 II」や
児玉秀雄著「相対論的宇宙論」等を読んだ(様な気がする)。
また、
確か、この頃から、週一回の Journal Club (半強制的参加)が始まり、
担当者(一人/週)が論文を一つ、読んで来て(かなり詳細に)解説した。
この頃には、私の研究テーマも Ashtekar 形式に確定し、関連の文献を沢山読んだ。
(その頃赴任したばかりの国友浩博士に時々ガイドしてもらった。
彼の Ashtekar 形式に関する(特別)講義は私には非常に役に立った。国友博士に感謝する。)
そして、**修士論文**として、
Ashtekar 形式およびその 2+1 次元 toy model としての Chern-Simons 重力理論に関する
過去の研究についての総説をまとめ、その中でひとつ「応用問題」として、
空間がトラス(ドーナツ型)の時の Chern-Simons 重力理論の確率振幅を求め、その幾何学的解釈を提示した。

大学院博士課程の3年間では、
(正規の)講義はなく、
週一回のコロキウム、週一回の Journal Club (半強制的参加)
の他は、不定期に(学生たちによる)自主ゼミで本や総説等を輪読する以外は、
主に、自分のテーマに関する論文を読んだり、テーマについて思索したりした。
また、位相幾何学(トポロジー、topology)に関する数学科の講義を数個、聴講した。

[

この頃に読んだ本は、トポロジーや結び目理論や組紐理論など、数学関係のもの(主に日本語)が多かった。
また、必要上、微分形式や geometric quantization (幾何学的量子化)についての本も読んだ。

また、（あまり記憶にないのだが、）この頃に
Hawking & Ellis 著 “The large scale structure of space-time” を読んだ（輪読した）らしい痕跡がある。
その他、テーマとは直接関係ないのだが、量子色力学（QCD）に関連して、
Muta 著 “Foundations of Quantum Chromodynamics” や、
対称性の自発的破れによるクォークの質量の起源に関する南部陽一郎の理論の総説（英語）
等を読んだ（輪読した）記憶もおぼろげながらある。
でも、この頃は、（英語の）論文を読むことの方が圧倒的に多かった様に思う。

]

[

博士課程一年のときに糸山博士から受けた助言

「和文を英語に直訳すると、訳のわからない英文になる（から、直接英文を作りなさい）。」

に従い、それまでは英語の文献は和訳して理解していたのを「英語のまま」理解する様、努める様になった。
また、論文を書く際も、それまでは日本語の下書きを作ってから英訳していたのを、直接英文を作る様に変えた。
それは、その後一生、私のポリシーとなった。（改めて、糸山博士に御礼申し上げる。）

]

この頃の研究テーマは、修士の時に引き続き、
Ashtekar形式およびその 2+1 次元 toy model としての Chern-Simons 重力理論に関してであった。
そして、博士課程の三年間で論文 9 本（「論文リスト」の論文番号 1 — 9）を書き上げ、
それらをまとめて**博士論文**を書き、
その「拡張版」を総説として Physics Reports に掲載した（「論文リスト」の論文番号 10）。

そして、**1996年4月から、京大基礎物理学研究所（基研）**に、学振研究員（PD）として3年間所属することになった。
（受け入れ教官は**二宮正夫博士**。二宮先生には心よりお礼申し上げます。）

まず、二宮博士の監督の下、配下の学生とポスドクにより2つ勉強会が持たれた。
一つでは、（確か）Wess & Bagger 著 “Supersymmetry and Supergravity” を輪読し、
もう一つでは、超弦理論に関して定評のある論文を数本輪読した。
これらは、その後、私が基研ですることになる研究の土台を築いた。

[

実は、私はこれとは独立に、阪大大学院でやっていた研究を更に先に進める準備として、
topological field theory（位相幾何学的場の理論）の分厚い総説等を独りで読んでいたが、
結果として、こちらはその後あまり役に立たなかった。
その他、（やはり二宮博士中心の）別のグループで、
（Hawking 博士の）ブラックホールの熱輻射の理論に関する（多分）総説を輪読（？）した
記憶もある。

]

具体的な研究は、

先ず、阪大時代の二年先輩である石川温博士の誘いにより、
二人で（超弦理論の世界面を記述する）2次元超重力理論に関する研究を始めたが、
なかなか当初狙っていた様な所までは辿り着けず、
Osp (1|2) 超ゲージ対称性を持つ Chern-Simons 場の理論との等価性を示す論文一本を発表するに止まった
（「論文リスト」の論文番号11）。

折角お誘い頂いたのに、私の力不足のせいで、石川博士にはまことに申し訳なかったと思っている。
（一方で、誘ってくださった事を心より感謝する。）

そうこうしているうちに、

海外から最新の研究情勢を仕入れて帰国した松尾泰（ゆたか）博士の掛け声で

当時新たに起こった新手法、**M(atrix) Theory**、（数種類の超弦理論を統一的に記述するとされる

（11次元）M 理論を正方行列のサイズを無限大に飛ばした極限で記述しようという方法）、に関する勉強会が始まり、
そこでは毎回 M(atrix) Theory に関する最先端（あるいはその土台となる）研究論文を「当番」が勉強し解説してたが、
気づいてみると、

私は、当時まだ博士課程の学生だった村上弘一氏と共に、松尾博士の M(atrix) Theory 研究チームに組み入れられていた。
この研究プロジェクトは各メンバーが心身的にかなり疲弊する程タフなものだったが、
一年ちょっとの間に（私が把握しているだけでも）4本の論文（「論文リスト」の論文番号 12 — 15）を生産する、
かなり「実入りの良い」プロジェクトとなった。

（「時流に乗る」とは、こういうことを言うのであろう。松尾博士、村上博士には心よりお礼申し上げます。）

[

ちなみに、（自分で言うのも何だが、）

私は、基研にいた頃、その計算の速さと正確さで一目置かれていた。

よく、「人間 Mathematica」（注：Mathematica というのは有名な数式計算ソフトのこと）
とか「（テンソルやスピノール等の）添字の好きな人」とか呼ばれていたものである。

（、、、、ちょっと揶揄が入っているが、まあ良しでしょう。）

当時、基研は国内の理論素粒子物理学のエリート達が集まっていたから、これは相当なものである。
私が計算が得意だったのには、**2つ理由**があると思う。

(い) 当時の私は、(当然比喻だが) **頭の中に「黒板」**(あるいは「白板」)を持っていて、
いちいち机に向かわなくても、常に頭の中で数式を操作することが出来た。
(普通の人は、ノートに(数式操作を)一ステップずつ書いていくが、
私はしばしば2、3ステップ飛ばして書いたので、よく同僚に嫌がられたものである。)
(もしかしたら、これも、小さい頃に両手を使っていた事と関係あるかも知れない。)
(ちなみに、今は頭がスカスカで、その様なことはできない。)

(ろ) 我が師、**吉川圭二博士**の、「(数学的に難しいことは) **先ず、簡単な具体例でやってみて感じをつかめ**」
という教えのお陰とも考えられる。
どう言うことかと言うと、テンソルやスピノール等(Clifford 代数等も含めても良い)の計算では、
教科書に載ってない様な「公式」(即ち、恒等式)を次から次へと生み出す事が、「最終結果」を導く為に不可欠となるが、
私の場合、(公式の見当をつけたら) **先ず、いくつかの具体的(かつ代表的)な添字のセット**を使ってその公式候補が成立する
か
調べ、成立しそうだったら初めて、その後、一般的な証明を試みる、というステップを踏んだ。
(これにより、証明できる筈もない「偽の公式」の導出(または証明)にムダな時間を費やす事を防げる。)
(ちなみに、似た様な手続きは、後に、コンピュータプログラム作成の際にも役立つこととなった。)

しかしながら、この後、私は思うところがあって、
素粒子論から生物物理へと転向する決心をする。(詳細は「私に起こった出来事」参照)
[(補足)
プロジェクトの間に、一時、松尾博士と私の間に諍いが生じたが、それは決して原因ではないことをくれぐれも申し上げておく。
(むしろ、その時すでに決心が固まりつつあったから諍いが生じたとも言える。)
]

この事を後日、我が師、**吉川圭二博士**に報告すると、
彼は大変残念がられ、私は彼に「きっと生物系で活躍する」と誓うハメとなった。

、、、これがその後の「泥沼人生」の始まりとなった。

[
[[まとめのまとめ (1)]]

中学高校の頃から芽が出始めた私の「**数理科学者**」としての能力は、
大阪大学の教養&学部の四年間での(物理学専門家養成のための)訓練によって鍛え上げられ、
大学院および基研での約八年間の素粒子論の最先端での研究活動および研修により、**更に高められた**。
(そして、合計15本の論文(&総説)(番号1—15)を生み出した。)
その後、残念ながら、
素粒子論から生物系へと「鞍替え」することになったが、
これらの経験によって培った私の「数理科学者」としての能力は、
その後も決してムダにはならず、
むしろそのお陰で私は生物系でも私独特の貢献ができたと自負している。
(それがなければ、恐らく、私は何の貢献も出来なかった。)

改めて、指導教官その他お世話になった方々に感謝する。
]

生物物理への転向の準備は、
1998年の春頃から、(主に研究所からアパートに帰った後で)少しずつ進められた。
まず、「細胞の分子生物学」という電話帳の様な本(日本語版)を2、3ヶ月で一通り読み、
そのほかにも分子生物学関係の薄い日本語の本を数冊読んだ、
また、Atkins 著“Physical Chemistry”をはじめ、(特に生物学に関係ある)化学物理の本を数冊読んだ。
それから、垣谷利昭博士の著書「光、物質、生命と反応 上、下」も(数式を逐一フォローしながら)読んだ。
また、共立出版の「シリーズ、ニューバイオフィジックス」の本も数冊読んだ(タンパク質関係が多かった)。
更に、京大理学部化学科の郷信広博士の研究室のセミナーや勉強会を聴講させて頂いたりもした。
(郷先生、木寺先生、そして研究室の皆様方、その節はお世話になりました。)

[
私が「この人」と選んだ博士 (PI) に受け入れてもらう為に、私は (1998年夏か秋) **名大大学院物理学教室の院試**を受けた。
そして、面接の時、(ペーパーテストで) **成績がトップ**だったと知らされた。
]

そうして、**1999年4月、名古屋大学大学院物理学教室 (物質理学系) の修士課程に「再入学」した。**

(配属は理論生物物理化学講座 (通称 TB 研)。
しぶしぶながらも受け入れてくれた指導教官には心よりお礼申し上げる。)
この頃は自活する為にアルバイトもしなければならず、大変だった。
主に、物理学教室の講義 (ほとんど物性関係)
および生物物理セミナー ("Molecular Biology of the Cell" やタンパク質関係の論文の輪読)
および、週一回の研究室セミナー (研究室のメンバーが持ち回りで自分の研究成果を発表する)
が (正規の) 授業で、途中 (二年次?) から、
週一回の Journal Club (各回、2、3人がそれぞれ担当の雑誌で目ぼしい論文数個を解説する)
も加わった。
私はそれ以外に (生物に関係ある) 化学科や生命科学科の講義を聴講した。
[
この頃の「自習」としては、
(確か) Prigogine & Nicolis 著 "Self-Organization in Non-Equilibrium Systems"、
(恐らく) Kubo & Toda & Hashitsume 著 "Statistical Physics II: Nonequilibrium Statistical Mechanics"
等の本を読み、その他に、
種々のモータータンパク質を確率過程を用いて記述しようとした論文等を何本か読んでみた。
また、研究室の勉強会で、
density functional theory (密度汎関数理論) に関する本を皆で輪読した記憶がある。
]

そして、二年次になって、指導教官に「恩返し」しようと思って
修士論文用に行った紅色細菌の光アンテナ系における励起移動に関する研究が、
指導教官の気に入らない結果となってしまう、結果、
私は **(2001年4月) 博士課程に進学**したものの研究室の研究の一切に関わる事を禁じられ、
自分だけの研究テーマを探すことを余儀なくされた。
この頃は指導教官の勧めで、(生命科学科の) 郷通子博士の研究室や (人間化学科の) 笹井理生博士の研究室
のセミナー等を聴講させて頂いた。
(郷先生、笹井先生、そして各々の研究室の皆様方、その節はお世話になりました。)
そうこうしているうちに、**分子進化学**の研究に活路を見出そうとして、
遺伝研のとある博士 (当時教授に昇格前後)に (名古屋大の「受託研究生」として) お世話になることになった。
(この際、指導教官の知り合いで分子進化にも通じた伊藤繁博士に色々相談にのって頂いた。
伊藤先生に心より感謝する。また、快く受け入れてくれた斎藤先生にも改めて御礼申し上げます。)
[

この頃は、(他研究室のセミナー等も通じて) 生物物理関連の非常に幅広い文献に触れることになった。
その他に、この頃から、
プログラミングに関する本 (ほとんどが薄い日本語の本) を何冊か読む様になった。
また、坂本文著「楽しい UNIX」をはじめ、UNIX によるコンピュータ操作の本や、
UNIX or Linux でのコンピュータ管理の本、そして、
尾崎實著「短文4つでブラインドタッチができる本」(これにより、私はブラインドタッチを身につけた)
等を読んで、来たるべく、完全にコンピュータ中心の研究生生活に備えた。
]

[**[[まとめのまとめ (2)]]**]

この、名古屋大学での、(1999年4月から2002年6月までの) 三年三ヶ月間は、
それまでの完全に「**紙と鉛筆**」だけで行っていた (数学解析的) 理論研究スタイルから、
その後の**コンピュータ解析中心**の研究スタイルへの**過渡期**にあたる。
加えて、
この時期に、生物関係の様々な講義、セミナー、文献等に触れたおかげで、
私の生物学への知識&経験はかなり広まり深まった。
そのお陰で、その後の私の研究が、
単に (理論) 物理学の手法を (生物 (学) を尊重せずに) 無理矢理適用する類の研究
とは一線を画した、と考えている。

また、この時期には指導教官のみならず、
（他の教官や研究室メンバーやバイト先の人々も含め）
様々な人々のお世話になった、この場を借りて厚くお礼申し上げる。
]

そして、**2002年7月、分子進化学とゲノム解析の研究をするため遺伝研の受け入れ教官の研究室に移った。**

最初の2年程はまだそれなりに時間的&精神的余裕があったが、
やがて、研究室のクラスターマシンの管理者が理研に「栄転」となり、私が管理する羽目となった。
また、当初は「そんなに負担にはならない」と言われて雇用されたプロジェクト
（仮に、「ゲノムワイド遺伝子相互作用網プロジェクト」（GGINP）とでも呼んでおこう）の
負担が徐々に重くなり始めた。
そして、気付いてみたら、
研究室の業務、クラスターマシンの管理、GGINPの業務、の「**三重苦**」に陥り、
すべてが二進も三進も行かなくなった。（詳細は「**私に起こった出来事**」参照）
これ以降、どこに行っても「**時間の負債**」に苦しめられ、
研究が思う様に進まない > 自己研修する時間がない > コンピュータの扱いや研究手法が向上しない
> 更に研究が思う様に進まない
という「**悪循環**」（「**負のスパイラル**」）に陥った結果、

なかなか専門知識&技能もコンピュータ管理技能も向上せず、論文も出ない、状態が続いた。
（それに加え、特に2013年に九工大に移って以降は、「何者か」による研究の妨害が目立つ様になった。）
（詳細は「私に起こった出来事」参照）

[
この様な状況だったので、（最初の2年間を除き）
本や（自分の研究に直接関係ない）論文&総説等もなかなか読む時間が取れなかったが、
それでも**幾つかは読んで、私の「血肉」となった**。以下、主だったものを列挙する。

（遺伝学、集団遺伝学関係：）
Hartl & Jones “Essential Genetics: A Genomics Perspective, 4th ed.”、（研究室の学生自主輪読会）
Latchman 著 “Gene Regulation, 5th ed.”、（五條堀研の輪読会）
Gillespie 著 “Population Genetics: A Concise Guide, 2nd ed.”、（遺伝研集団遺伝の輪読会）
Crow & Kimura 著 “An Introduction to Population Genetics Theory”、
Wakeley 著 “Coalescent Theory: An Introduction”、

（分子進化学関係：）
宮田隆編「分子進化：解析の技法とその応用」、
W.H. Li 著 “Molecular Evolution”、（実は名大の時から読んでいた）
Nei & Kumar 著 “Molecular Evolution and Phylogenetics”、（研究室の輪読会）
Felsenstein 著 “Inferring Phylogenies”、
Z. Yang 著 “Computational Molecular Evolution”、

（統計検定関係：）
Ewens & Grant 著 “Statistical Methods in Bioinformatics: An Introduction”、
Agresti 著 “An Introduction to Categorical Data Analysis, 2nd ed.”、（特に logistic 回帰に関する数章）
Sokal & Rohlf 著 “Biometry”、（特に ANOVA 関係の数章）

（バイオインフォマティクス関係：）
Gusfield 著 “Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology”、（特に配列並べに関する数章（第三部））
Gibas & Jambeck 著 “Developing Bioinformatics Computer Skills”、
Setsubal & Meidanis 著（五條堀孝監訳、遠藤俊徳代表訳）
「分子生物学のためのバイオインフォマティクス入門：生物情報解析の理論とアルゴリズム」、
Mount 著 “Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis”、（研究室の輪読会）

（アルゴリズム、数値計算関係：）
Press & Teukolsky & Vetterling & Flannery 著 “Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing, 2nd ed.”、
Sedgewick 著（野下浩平&星守&佐藤創&田口東 共訳）「アルゴリズム C 第1、2、3巻」、

(プログラミング関係：)
Kernighan & Ritchie 著 “The C Programming Language, 2nd ed.”、
斎藤靖&小山裕司&前田薫&布施有人著「新 Perl の国へようこそ」、
Tisdall 著 “Beginning Perl for Bioinformatics”、

(ちなみに、私は、遺伝研に移ってからの輪読会(勉強会)には馴染めなかった。
物理学時代(素粒子&生物物理)の時は数式を逐一導出していたので、ペースについて行けたが、
遺伝研に移って以降は、数式等の(彼ら曰く)「細かい部分」は飛ばして、
ただ本や論文の「要約」をしている様な感じだったので、
ペースが非常に早く、終わった後に頭に何も残っていなかった。
(どうも彼らと物理屋とでは、「理解する」の意味が違っている様である。)
唯一、集団遺伝の輪読会だけが物理時代の様に式を逐一フォローしたので、「身になった」気分になった。
それ以外は、勉強会よりも独学で読んだ本の方が「身になった」気がする。)
]

そんな中でも、
かつて身につけた「**数理科学者**」としての能力を活かして、(その時々を受け入れ教官の助けも多少借りて、)
幾つか研究を行い、(2002年7月から2020年7月までの)十八年間で、
11本の論文を雑誌掲載し、加えて未掲載論文を4本書いた。(「論文リスト」の論文番号 16 — 30)
(素粒子論時代は六年間で15本雑誌掲載なので、「速度」は約 1/3 に落ちた事になる。)

とは言え、(多著者の論文番号 16 & 18 を除くと、)どれも私の特徴が見られる「独特な」論文となっている。
とりわけ、**論文番号 24 — 30 の MSA (multiple sequence alignment, 多配列並べ)**に関する一連の論文は、
これまで、(この分野の専門家)誰もが「やらなければ」と思っていたが出来なかったことを成し遂げた、
という意味で「**快挙**」とも呼べ、**この分野の正しい方向への確固たる発展に必ず役立つだろう**、と自負している。
(詳細は「私に起こった出来事」参照)

ここに改めて、それまでにお世話になった指導教官&受け入れ教官達および雇用主達、
私の2つ目の博士号取得(@名大院理物)の際に主査を務めて頂いた伊藤繁博士、
九工大に入った当初に仮の受け入れ教官になって頂いた倉田博之博士、
そしてその他(私生活も含め)お世話になった皆様方に心より感謝申し上げる。

[
[[**まとめのまとめ (3)**]]

2002年7月に遺伝研に移った私は、
やがて、受け入れ研究室の業務、クラスターマシンの管理、そして GGINP の業務という「**三重苦**」に苦しめられた。
その後も、研究の遅れに端を発する「**負のスパイラル**」に陥り、自己研修はあまりできず、研究も停滞していた。
そんな中でも、「**数理科学者**」としての能力を活用して、2002年から約十八年間で(非冗長な) 15本の論文 (番号16 — 30)
を書いた。
(著者の多い番号16 & 18 を除き)どれも私に特徴的な論文だが、
特に、**MSA** に関する **論文番号 24 — 30** は、きっとその分野の正しい発展を後押しすることであろう。

ここに改めて、お世話になった皆様方に感謝する。
]

<< 吾が人生の概要(体調不良&障害編) >>

まず、病気について語っておくと、
記憶にある限り、私は長期入院を要するような「大病」を患った事はない。
医者も、生涯通じて平均数年に一度の頻度でかかった歯医者と、
小学生の頃、ちょっとした熱や口内炎で時々医者にかかったこと
を除くと、(2016年前期までは)ほとんどかからなかった。
[
ただし、三島にいた頃は別で、
2006(?)年には腸内細菌叢の乱れで、
2007(?)年には帯状疱疹で、
それぞれ医者にかかる羽目となった。(どちらもストレスに関係ありそう。)

]

[

ただし、中学の頃からは腰痛、肩痛、肘や膝の痛みに悩まされ、特に腰痛はその後「持病」として定着し、障害付き合い続けることとなった。

（高校、大学生の頃からは、毎日起床後と就寝前に柔軟運動と腹筋&背筋運動をして、腰回りの筋肉を鍛え、腰痛の悪化を防いだ。

それでも、時々、ぎっくり腰も含め、（何かの拍子に）腰痛が悪化する事はあった。）

]

[

また、怪我はしばしばした。

多分、一番ひどかったのは、

小学生の頃に犬に遭遇して逃げようとして、コンクリートの角で脛を切って何針か縫った事と、

中学2年生の時にサッカーゴールのポストにぶら下がろうとして落ちて右腕の橈（とう）骨にヒビが入った事である。

]

ここでは、これらあからさまな「病氣」や「怪我」とは違う、（ちょっと得体の知れない）「体調不良」や「障害」について記す。

その始まりが、小学生の頃なのか、中学生の頃なのかははっきり覚えていないが、少なくとも中学生の頃からは原因不明の「体調不良」に悩まされ続けた。よく判らないが、疲れやすく、すぐ体がだるくなる体質だったのである。

また、やはりその始まりが何時かははっきり覚えていないが、少なくとも中学2、3年生の頃からは、「疲れ」を少しでも軽減する為にか、休み時間や昼休みに机に突っ伏して「仮眠」を取るようになっていた。（そしてそれはその後、生涯続くこととなった。）

高校では、部活（体操部）の際に、筋トレや柔軟運動で仰向けになったまま、寝入ってしまう事もしばしばあったし、高校以降、映画やその他暗い部屋での講演等を視聴している際に寝てしまう事も良くあった。

これらは、大学以降も改善（解消）せず、特に、遺伝研にいた2005年前後からは、仮眠を取らずに長時間作業していると頭がフリーズしたり、あるいは居眠りしてせっかく長時間かけて作成したデータやコンピュータプログラムを消去してしまったりする事も多々あった。

また、海外出張（主に国際会議）に出かけても、疲れがひどくでホテルでは入浴もせずそのまま寝てしまう事はよくあったし、帰国後はひどい時差ボケ（？）に数週間悩まされた。（二年弱の間米国にいて帰国した2011年7月初旬以降は、約二ヶ月間、体調がすぐれなかった。）

また、これらと関係があるのかわからないが、（多分）2007、8年くらいから、ときどき頭が重くなったり、目の前が暗くなったりする様になり、それは渡米後、一旦解放に向かったが、帰国後の2012年頃から再び徐々に悪化していった。また、その頃から、記憶力も徐々に低下し始め、2016年頃にはこれらすべてひっくるめてかなりひどい状態になったので、引退して一旦詳しい医療検査を受ける決心を固め、**2016年9月末をもって、職業としての研究者を「引退」し、実家に戻った。**

まず、実家に戻って暫く十分睡眠を取って毎日を過ごしているうちに、記憶力は回復し出し、「ひょっとしたら若年性認知症では？」という懸念は杞憂に終わった。

また、体調不良のうちで最も気になったのが（頭重感などの）頭に関する症状だったので、MRI等で頭部を精密検査してもらったが、（腫瘍や梗塞など）命に別状のある症状は見られなかった。

それでも、上記不調は直らなかったなので、取り敢えず、「仮眠」を取らないと不調になる件を調べる為、東京の某私学付属病院の睡眠センターで診てもらったところ、「**ナルコレプシー**」と診断された。

[

ナルコレプシーは日中でも強い眠気が起こる睡眠障害である。

]

[

ナルコレプシーと診断される為には、まる1日入院して睡眠パターンを調べ、幾つかの要件を満たす必要がある：

（1）睡眠時無呼吸症候群でない；

(2) 消灯から入眠までが平均8分未満；
(3) 入眠後すぐにレム睡眠が見られる。
(ちなみに私は、消灯から入眠までが平均1分ちょっとであった。)

]

[

しかしながら、私は、ナルコレプシーに特徴的な症状である、
(入眠時の)金縛り、幻覚、幻聴や情動脱力発作等はほとんど経験した記憶がない。
(悪夢は子供の頃はよく見たが、今はほとんど見ない。)

そういう意味では、私は「非典型的ナルコレプシー」もしくは「ナルコレプシー様睡眠障害」と言えるのかも知れない。
(ただし、「自動症」に関係するのかも知れないが、気づいたら時間が1時間ほど進んでいる事はときどきある。)

]

[

考えてみると、私は子供の頃から「夜更かし」が苦手であった。
中学生になって、家庭学習を毎日やる様になっても、真夜中過ぎまで起きている事はまれだった。
中一の頃、ある定期試験の準備の為に午前一時頃まで勉強したら、翌日熱を出して寝込んだことがあるくらいである。
(そんな私には、徹夜の「一夜漬け」等のもっての外であった。
幸い、計画的に学習を進めていたので、その必要もなかった。
だから、(他人の経験は味わえないのでよく分からないが、)阪大合気道部の合宿は、実は、人一倍辛かったのかも知れない。)

今になって考えてみると、これらも実は睡眠障害と関係があったのかも知れない。

]

子供の頃からの悩みだった「だるい」「疲れやすい」体質も、この睡眠障害に関係あるのかも知れないが、定かではない。

その後、服薬治療に入ったが、なかなかうまくいかず、却って、
服薬後や乗り物に乗った時や後にめまいを感じる様になったりしたので、
だんだん薬の量を減らして代わりに仮眠で補う様になっていった。
(現在では、薬は服用していない、のにも関わらず、めまいをしばしば感じる様になった。)

その他、ここ数年、起床時に耳鳴りがしたり、(わずかにだが)左半身が痺れたり頭が痺れたりすることがほぼ常態化しているが、
医師によるとこれらはあまりナルコレプシーとは関係ないらしい。

[

注：私は決して左半身を下にして寝たりはしない。むしろ、完全に仰向けである。

]

私は、ひょっとしたら何か難病(ALSやパーキンソン病)の兆候では？と恐れていたが、
あまり悪化する様子もなく、どうやら(少なくとも私が人生を終えるまでは)保ちそうな様子である。

「障害」といえば、もう一つ悩まされたのが、私は**(特に直接の)対人コミュニケーションが非常に苦手**であることである。

これは、主に二つの要素から成っている：

(1) 他人の言うことを聞き取るのが苦手なこと；(2) (特にとっさに)他人に何か話すのが苦手なこと。

(1)に関しては、決して聴覚障害ではない。(健康診断等で聴覚異常を指摘された事はない。)
ただ、しばしば、他人が話している一単語(あるいは一文)が飛んでしまうことがあり、
状況的に聞き返すのが難しい場合、(あるいは聞き返してもやはり分からない場合、)
そのまま「虫喰い文」として解釈せざるを得なくなり、
お互いの理解に齟齬が生じる、と言う事はしばしば(あるいはいつも?)であった。

[

小学生低学年の国語(?)の授業であった「伝言ゲーム」では、しばしば私のせいでチームは敗北した。

]

[

もしかしたら、APD(auditory processing disorder、聴覚情報処理障害)なのかも知れない。

]

それに加え、(2)自分の言いたいことがとっさに言葉となって出てこないので、
しばしば、相手に不快感を与え、また、からかわれる事があった。
(これにより、「いじめ」まではいかないまでも、「差別的待遇」を受けた事は数知れない。)

その為、私は、(前もって原稿等を用意できない)

直接対面の会話、質疑応答のある講演（演説）、そして電話による会話、等は非常に苦手で、できる限り避けた。

[
今でも電話は、本当に必要な時以外はかけないので、平均すると月一回かけるかどうかである。
]

こんなであるから、恐らく LINE 等をやっても周りの「会話」のテンポについていけない事は
わかり切っているので、LINE 等もやらず、
最近はコミュニケーションはもっぱら Eメールに頼っていた。

しかし、それですべて一件落着か、というそうではない。
Eメールでは、「話し手」の表情や語気などが伝わらないので、
送った文章をあらぬ風に解釈されてしまい（その逆もまた真）、「紛争」に発展する事も多い。

いずれにせよ、「**コミュニケーション障害**」**気味の私にとって、今の世の中は「非常に生きづらい」のだ！！**

[
だから、正直言ってしまうと、今の「引きこもり」気味の生活の方が、
かつて人々と日々交流しなければならなかった頃よりも、
精神的ストレスは比べ物にならない程少ない。
（現在、私は SNS も一切やってないので、他人からのコメントに煩わされる事もない。）
]

もう一つ、私が疑っているのは、「**発達障害**」（又は「**神経発達症**」）（特に「アスペルガー症候群」あたりか？）である。

私は、数理学理論は得意でありながら、コンピュータをいじる事や実験などは苦手である等、**得手不得手のギャップ**が激しい。

[
ちなみに、それら「不得手」の多くは、長年にわたって努力しても克服できなかった。
]

また、**マルチタスクが苦手**である一方で、一つのことに集中出来る状況下では人並みならぬ集中力を発揮できる。

[
この問題（あるいは前出の「コミュニケーション障害」）に関し、実際に医師にかかったことはないが、
仮にそう診断されなかったとしても、その「気味」があることだけは間違いあるまい。
]

いずれにせよ、これら私の「障害（気味）」が、これまでに、
自分自身の任務遂行の際、あるいは上司（達）が私を扱う際に、**様々な問題を引き起こしてきた**ことはまず間違いない。

例えば、
マルチタスクが苦手なのに、一度に複数の「任務」（あるいは「業務」）を課されたら、
仕事が進まなくなるのはある意味当然のことである。

また、従来の日本の教育の下では、
ある事物がよくできる人はすべての事物がよくできる傾向にあり、
逆に、ある事物ができない人はすべての事物ができない傾向にあった。

これを踏まえて上司が、得手不得手のギャップが激しい私の
「得手」の部分に着目してしまうと、私を「何でもできる人」と勘違いして、重い負担を課しがちになるし、
「不得手」の部分に着目してしまうと、私を「使えない奴」と判断し、その様に扱うこととなる。
どちらにしても、私は不利益を被ることとなる。

また、（記憶にある限り）少なくとも中学生の頃から、
私はしばしば教員や上司等から「他人の気持ちを思いやる様に」と言われてきた。

これも、正直言うと、私にとって「よく分からない指図（助言？）」であった。
私は常に、私なりの「思いやり」を持って、
（つまり、「私だったらこうされたら嬉しい」「私だったらこうされたら嫌である」という判断基準に従って、）
他人には接してきたつもりである。
（私は、私自身が「普通」である、と言う仮定の下、そうして来た。）

しかしながら、最近ようやくわかってきた事であるが、私はどうやらかなり「普通」ではない様である。
だから、私がかつて他人の為に「良かれ」と思ってしまった事が、
相手にとっては「望まない」言動だった（従って「仇」となった）ケースが多々あったのかも知れない、
と今では思っている。

[
特に、対人関係の距離感については、
私は（非常に）離れた距離を好み、他人もそうだと思ってずっと振舞ってきたので、
多くの人は私を「冷たい奴」と感じたかも知れない。
（私が思うに、「冷たい奴」とは、他人が近い距離感を好むことを知っていながら、あえて距離を取る人のことだと思う。）
]

いずれにせよ、
「他人の気持ちを思いやる様に」という指図（助言？）は、
「人（あなた）は他人の気持ちが分かって当然だ」と言う先入観に基づいている。

確かに、「均質志向」だった従来の日本社会においては、
大方の人々の間にはある程度共有できる「共通の感情」なるものは、ある程度は存在したのかも知れない。
しかし、その指図は逆に、
私の様に「変わった者」達、あるいは他の（思想的、あるいは心身的）マイノリティーの人々や外国人等、
に対する「思いやり」を欠いてはいまいか？

現在の私の持論は、以下の通りである：

そもそも、人はそれぞれ違うものであり、ある人が他人の気持ちを完全に理解するのは不可能である。
だから、黙って、他人の「思いやり」を期待するのではなく、
むしろ、自分が「やって欲しい事」「やって欲しくない事」を相手にはっきりと伝えるべきである。
[
実際、欧米をはじめ、世界ではそちらの方が主流である筈である。
]
伝えなかった事を相手がやらなかったとしても、それは責めるべきではない。

、、、この様な事を言っている時点で、既に「異常」なのだろうか、、、？
しかし、これが「当たり前」にならなければ、「多様性」を本当に尊重した世の中は実現不可能であろう。

以上、まとめると、私は（よく分からないが、多分、小学生ないし高校生の頃から）
「睡眠障害（ナルコレプシー）」（確定）、「コミュニケーション障害」（疑惑）、「発達障害（アスペルガー？）」（疑惑）、
等にかかっていた可能性があり、これら（あるいはそれに似た気質）により、
これまでに、様々な問題を起こしたり不利益を被ったりした事が多々あった可能性が高い。
せめて最初からそうと分かっていたら、対処のしようもあったのでは？
と思うと、いささか遺憾である。

2、私に起こった出来事

以下、私に起こった重要な出来事、その背景、理由、関連した出来事などに関して記述する。

（ただし、研究に関連して起こったこと、しかも（素粒子論から生物物理への）分野転向とそれ以降についてののみとする。本当はそれ以前の研究関連や、私生活に関すること（とりわけ阪大合気道部に関して）も記述したかったが、どうも時間が足りない様なので残念ながら割愛させて頂く。）

【1999/04: 分野変更（素粒子論 > 理論生物物理）】

これは、恐らく、私の人生の中でも1、2を争う大きな出来事である。

何故、変更することに決めたのか、
一つの大きな理由は「実験と理論の乖離」である。

当時盛んに加速器実験等で行っていたのは、
素粒子の標準モデルの検証およびパラメータの精密測定である。
それは、大雑把に言って、
100 GeV ~ 1 TeV (= 1,000 GeV) （一千億〜一兆電子ボルト）
のエネルギースケールであった。
（ちなみに陽子の静止質量は1 GeV（十億電子ボルト）のスケール。）

（そして、当時、世の中の趨勢は、「こんなことに金をかけていてもいいのか？」
と言う方向に向かいつつあり、アメリカでは
さらに1（2?）ケタ高いエネルギースケールの実験ができる SSC 計画が
国会で否決されていた。）

一方、当時理論の分野で盛んに研究されていた超弦理論や量子重力理論における
特徴的なエネルギースケールは、（重力の量子効果が現れると期待されるスケールで、）
Planck スケールと言われ、それは約 10^{19} GeV と、桁外れに大きい。

一体、どうやって、こんなとてつもないエネルギースケールで起こっていることを
実験で確かめることができるのか？
という疑問は常に念頭にあった。

[
一回り小さな GUT スケール（約 10^{15} GeV）での予言を実験的に確かめるのですら、
スーパーカミオカンデの様な超大規模な実験施設を要し、
しかも、（私の理解が正しければ）まだ予言は確かめられていない。
]

もう一つの大きな理由は、理論が「超弦理論」に偏り過ぎていたということである。

（あくまで私の個人的見解だが）
超弦理論はあまりにも美しすぎて胡散臭い：
あれだけ完璧な対称性を有していたら、それが破れた際に、
（我々が知っている重力や素粒子以外にも）あまりにも膨大な種類の「もの」が現れる筈だが、
それらが何故観測できないのか、納得できる説明はあるのだろうか？

そして、「まず、平坦な空間（9+1次元 Minkowski 空間）ありき」
なのは本当にいいのか？
例えば、遠くから見ると滑らかに見えるテレビ画面やパソコン画面が
近づくると細かい画素からできている様に、
滑らかに見えるこの世の時空も、
もっと「近づく」（すなわち、エネルギースケールを上げる）と、
実は細かい要素から成っていたり、デコボコしていたりはしないのか？

いずれにせよ、古今東西、人類が実体験できる範囲を大きく超えたところで
想像を働かせたものは、正しかった試しがない。

だから、（いくらそれが「有望」だからと言って、、、どう「有望」なのかはよく知らんが、、、）
超弦理論一辺倒なのは、少し危険（risky）過ぎないか？
[
ちなみにこれは（基研に入り）超弦理論に関しかなり勉強した後での考えである。
（それ以前は、文字通り「よく解らない」状態だったので、こんなことを考えることすらしなかった。）
]

そう考え、もしできるならば、超弦理論に真っ向から対抗する（あるいは「真逆の立場」から始まる）
新しい理論でも提唱したかったのであるが、
そんな事をすれば（我が師、吉川博士も含む）超弦理論の研究者達からの
激しい攻撃を受けるのは必至で、
しかも、タダでさえも少ない研究職を確保するのはまず無理になってしまう。
しかも、更に悪いことには、
（仮に私が将来提唱する理論が正しかったとしても）その正しさが証明される日が
本当に来るかどうか分からない
（仮に来たとしても、それは恐らく私が死んでからずっと（何世紀も）後のことだろう）。

だとしたら、何の為に、私がこの分野の研究を続けるのかよく分からない。
（既に「超弦理論屋」は、掃いて捨てるほど存在するのだ。）

もう一つの選択肢としては、
もっと実験に近い、（標準モデルやその小さな拡張などを含む）いわゆる「現象論」に鞍替えすることである。
しかしながら、そうすると、必然的に大規模実験に関われなければならない。
問題は、（コミュニケーション障害気味な）私は大勢の人間のいるところではうまく立ち回れないことである。

そう考え、私は素粒子論を去ることに決めた。
（ただし、理由を詳述すると、他の素粒子論研究者の方々に
大きな動揺を与えかねないと思い、黙って去ることとした。）

[追記：
最近は、重力波の検出、ブラックホールの「可視化」、ダークマターやダークエネルギーの研究など、
天文学、宇宙物理学の分野での進展が目覚ましい様である。
ひょっとしたら、これらの研究がさらに進展すれば、
超弦理論が本当に正しいのかどうか検証する方法
（あるいは少なくとも「標準理論+Einstein 重力」を超えた「何か」）も見つかるかも知れない
、、、等と最近はボンヤリと考えたりもする。
（それでもあと数十年～数百年くらいかかるのかも知れないが、、、。）
]

どこに転向するかについては、
当時流行りだった「複雑系の物理」も一つの候補になったが、
それ以上に、子供の頃から興味があった生物を扱う「生物物理」の方が魅力的に感じたし、
また、世の中ではゲノム計画も始まりつつあったので、生命系に旬が訪れるだろう、
とも考え、まずは物理でどれだけ生命（現象）に迫れるかを知る為に
生物物理に転向することにした。

そして、生物物理学会誌を見て、そこに登録されていて興味深そうな研究をしておられる
先生方数十名に手紙を書いて、もう少しどんな様子が尋ねた。
（ご返信くださった先生方には心より感謝申し上げます。）
また、京大理学部化学科の郷信広博士の研究室のセミナーなどを聴講させて頂いたりもした。
（郷博士、木寺博士をはじめ郷研の皆様方には改めて厚くお礼申し上げます。）

そうこうしているうちに、（量子力学も含む）バリバリの理論物理で生命現象に挑んでいる
ある名古屋大の教授と出会い、
彼の、生命現象を大切にしながら（無理矢理でなく）物理を適用するスタイル、哲学に感銘し、
彼の下で研究をすることを決心した。

ちょうどその頃、我が師、吉川博士の退官講演&パーティがあり、私も出席した。
パーティの席で、吉川博士に生物物理への転向を決めた事を話すと、
非常にがっかりされた様子だった。
そしてその後、Eメールを下さり、そこには、

「今となっては、江澤君が生物の分野で大活躍するのを見ることが、老後の唯一の楽しみだ」

という様な、少し恨み節めいた文句が書かれていた。

そこで、私は

「これはもういい加減なことではない、
吉川博士の為に、何としても大きな仕事を成し遂げねばならない！」

と誓った。

この誓いが後に重くのしかかることとなった。

[2002/07: 分野変更（理論生物物理 > 遺伝学（分子進化学））]

名古屋大学大学院（修士課程）での最初の1年は、物理学科（物質理学）の正規の授業に加えて生命科学科の講義や化学科の関連する講義などを聴講したりした。
（これに加えてアルバイトもしなければならなかったので、かなり忙しかった。）

2年目は、もう少し範囲を絞り込んで、もっと研究室でしていることに近い勉強をしつつ、修士論文のテーマとして紅色光合成細菌の光アンテナ系における励起移動の研究をすることとなった。

具体的には、指導教官のライバルであるとある博士がその弟子と行なった、exciton 機構に基づく1次の摂動計算が果たして正当化されるかどうか、について摂動の2次の項との大きさを比較することによって調べてみた。

最初は、裸の（普通の）摂動1次の項と2次の項とを較べて見たところ、2次の項が（1次と較べて）かなり大きかった。
この頃は指導教官は機嫌が良かった。

しかし、ライバルグループの論文では、用いているのは裸の1次の項ではなく、自己無撞着方程式（self-consistency equation）の解だったので、今度はそれを用いて見ると、2次の項が（1次と較べて）かなり小さくなった。
これは、exciton 機構の描像は少なくともある程度は成立しうる事を示唆する。途端に、指導教官の機嫌が悪くなり始めた。

指導教官は摂動3次の項を計算する様に求めて来たが、私はそれはあまり意味がないと思った。
何故なら、**一般的に摂動展開は「漸近展開」の一種で**、ある次数まではあたかも収束する様に振る舞うが、そこからは発散するからだ。つまり、仮に、3次の項が大きかったとしても、「それは摂動展開のせいで、2次までは「収束」し、3次から発散が始まった、」と解釈されれば終わりだからである。

[
この理由については、修論には記述したが、指導教官に口頭では伝えなかった。
だから、もしかしたら、3次の計算に時間がかかるからだと思われていたかもしれない。
確かに、当時の私の数値計算技術では3次の計算が終わるのには数ヶ月は要したかも知れない。
しかしながら、それはあくまでも副次的な理由であって、主な理由ではなかったのだ。
]

そこで、私は、少し違った角度からこの問題を調べる為に、変分法を用いて、極小点での相互作用係数を調べてみることにした。
結果はやはり、exciton 描像に好意的であった。

そうこうしているうちに、修士論文発表会が来たので、私はこれらの結果を発表した。

少し解せなかったのが、

指導教官が私の研究内容を日本物理学会で発表する様に指図したことである。
私があるまま発表すると、ライバル陣営からは喜びの声があがり、
指導教官は怒りに震えていたと、後に聞いた。
これは彼が彼なりに品行方正な科学者としてのけじめを付けたと言う事なのか、
、、、それとも、実は私がデータの捏造、改ざんすることを望んでいたのか、、、。
私は前者であることを願う。

[
どちらにしても、「科学的真実」を貫く私がデータ捏造、改ざん等する筈もなかった。
]

学会後も指導教官と私の関係は更に陰悪になり、
ある日の議論の際に、彼が私の手法に疑念を呈する様な発言をしたので、
私が少しふてくされた態度を取ったところ、
彼は急に怒鳴りだし、何故か私がそれ以上その研究だけでなく
研究室の主要テーマ関連の研究をする事を禁止されてしまった。

これは非常に残念な事であった。
指導教官がこの結果をもっと冷静に受け止め、
私がある後、回転（18回）対称性が破れた場合や、静的 disorder のある場合など
色々調べていけば、もっと現実には起きている事へのヒントが得られたかも知れないのに、、、。

[
一つ不思議なのは、この研究室の他のメンバーの（励起移動に関する）研究では、彼が喜ぶような結果が出ていることである。
、、、データの捏造改ざんがなければいいのだが、、、。
]

仕方がないので、私は他に興味があつた分子進化学の研究に
鞍替えすることにした。
その際には伊藤繁博士にも相談に乗って頂き、
当時その分野でのフロントランナーの1人であつた国立遺伝学研究所（遺伝研）の
とある博士の下で（名大の受託研究生として）研究することになった。
[
分野転向を可能にした伊藤博士、遺伝研の受け入れ教官、そして名大の指導教官には心より感謝する。
]

[2004/11 — 2008/03: (仮称) ゲノムワイド遺伝子相互作用網プロジェクト (GGINP)]

（私が遺伝研にいた間のかかなりの期間関わつた）このプロジェクトには何だかよく分からないうちに雇われて
気づいたら解雇されていたイメージがある。
いづれにせよ、このプロジェクトのお陰でその間は生活費等には困らなかつたが、
支払われた給料に見合っただけの成果を出せなかつたのは事実である。
その意味では大変申し訳なかつたと思っている。

しかしながら、常に、雇い主側（総監督とその下の現場監督）が
何を欲しているのがよく分からないのが問題だつた。
ミーティング等でこちらが何か提案しても、
明確なフィードバックがないまま終わってしまうことが多かつた。
[
とあるポストドクのメンバーが、
「自分らでも特に具体的な考えはなく、（ポストドクから）何かいい感じのアイデアが
出てくるのを待ってるだけだ。」と言つてたことがあつた。
その時は「まさかそんなことはないだろう」と内心思つていたが、
今になってみると、「もしかしたらその通りだつたのかも」と思うこともある。
]
もっと直接問いただせば良かったのかも知れないが、
お二方とも常に忙しそうで、なかなか会える状況にはなさそうであつた。

もう一つの問題は、私自身の身柄は受け入れ研究室にあつたので、
必然的に「二足のわらじ」を履かざるを得なかつた事である。
このせいで、この期間、どちらの側の活動も中途半端になつてしまい、

その進行がはかどらなかった。
もしも（例えば1年間とかの）一定期間だけでも、
物理的にも（仮称）GGINP にどっぷり浸かることを受け入れ教官が許していたならば、
結果はかなり違ったものになっていたかも知れない。

とにかく、
雇われた当初は「自由にやってくれ」みたいな雰囲気で、
（何をどう自由にやるのかすら分からなかったが、、）
受け入れ教官も「プロジェクトには活動（勤務）時間の2、3割くらいだけ割けばいい」
みたいな事を言っていた記憶がある。

その当初は、（たしか週1くらいのペースで）
向こう側の（海外からの）ポスドク（？）の研究の進捗を聞いて
何か質問なり意見を述べるなりするのが「仕事」の様であった。
（そもそも他人との直接対話が非常に苦手な私が一番苦手なタイプの「仕事」ではあったが、、。）
もう一つは、確か、
現場監督、受け入れ教官、（やはりプロジェクトに雇われた）同研究室の留学生、そして私、
の間の直接のミーティングで、
Xenopus（アフリカツメガエル）の重複遺伝子について調べる様な話が
浮上していた様な気がする。
私もそれは是非やってみたい研究であったが、
（コンピュータを使った）仕事の遅い私は、研究室でやっていた
遺伝子変換の研究（および、クラスターマシンの管理）で手一杯で、
そこまで手が回らなかった。

[
これは本当に申し訳なかったが、やる気がなかった訳では決してなく、
ひとえに私の「能力不足」のせいである。
私は、「紙と鉛筆」だけの数学解析的計算では、「水を得た魚」の様に仕事ができるが、
こと、コンピュータ解析となると、「水から揚げられた魚」の様になってしまうのだ。
その原因には、コンピュータシステムに関して十分な知識が備わっていない事などが
挙げられ、自分でも改善したかったのだが、
仕事が忙しいせいで「自己研修」が出来ない＞だから効率が上がらない＞仕事が忙しいままである、
という「負のスパイラル」に陥っていた。（これはその後今日に至るまで続いている。）
]

そうこうしているうちに、2006年頃からは、総監督の研究室のポスドクもプロジェクトに加わり、
プロジェクト遺伝研支部常駐のシステムエンジニア（SE）さん達と合流して、
「アルゴリズムミーティング」をかなりの頻度（週1から隔週くらい）で開くことになった。
ミーティング初めの総監督の話では、（私の理解が正しければ、）
「プロジェクトに参加している様々なグループと共同して何か新しい研究をする様な提案を考えよ」
という事だったので、
私は様々なグループの研究を調べた結果、
影山グループのHes 遺伝子の振動を介した体節形成メカニズムの研究
と共同した研究を提案した。
その後、人気投票をして、票を多数獲得した提案が採用される段取りとなっていた。
私は自分の提案にはかなり自信をもっていたのだが、誰も投票してくれなかった。

[
日本人が自分で投票すると間違いなく「変な奴」だと思われるので、
私自身は他の提案のうちで最も面白そうだった骨の起源の研究に票を投じた。
]

[
ただ、その会議で不思議に思ったのは、研究グループとあまり関係なさそうな提案が
多数見られた事である。後でわかったのだが、それらはそのポスドク自身が取り組んでいた
テーマに基づく提案の様であった。
]

そして、投票の結果、4、5個の提案が選ばれ、
そのまま予備調査／解析へと進んで行くこととなった。

[
私自身は投票した骨の起源／進化の研究に加わることとなった。
]

この頃から、プロジェクトに割く時間がだんだん多くなり、平均すると研究室関連の業務を上回る様になったと思う。

それは、上記の予備調査／解析に加えて、
アルゴリズムミーティングの場所取りと段取りを予め決めておく必要があったからだ。

そもそも、遺伝研に入ってからというもの、
研究は私の苦手なコンピュータ解析中心となり、
それに加えて、クラスターマシンの管理者が理化学研究所に移ってからは、
私がクラスターマシンの管理を任される様になり、これがかなりの負担になった。
何故なら、クラスターマシンはかなりの頻度で不具合を起こし、その度に何が起こったのか
調べなければならなかったからだ。
UNIX システムに関してかじった程度の知識しかない私にとっては、この負担は重かった。

そのため、
私は研究室には毎日決まって朝9時には到着していたが、
帰りの時間は次第に遅くなっていき、真夜中（0時）過ぎも珍しく無くなり、
そして、この（アルゴリズムミーティングの）時期には
午前2、3時に帰途につくことがしばしばで、
（例えばプレゼン前夜など）ひどい時には徹夜することも珍しくなかった。
[
ちなみに、午前2、3時に帰途につく場合、睡眠時間はせいぜい3時間となる。
]

そんな訳で、睡眠不足が蓄積し、
（せっかく長時間かけて作成したプログラム、データ、資料などを間違えて消してしまうなど）
仕事のミスも増えて余計に帰りが遅くなる、といった「**悪循環**」に陥った。

体調も崩れ、脳が悲鳴をあげて、「このまま心臓が止まってしまうのではないか？」
と思ったことも1度や2度ではない。
滅多に医者にかかることのない、健康が自慢だった私も、
この頃はしばしば体調を崩し、
（確か）2007(6?)年には細菌性胃腸炎で（要するに「腸内細菌叢」がボロボロになって）医者にかかり、
翌2008(7?)年には（しばしばストレスが原因で起こる）带状疱疹になって医者にかかった。

「このまま死んでしまいたい」と思ったことも時々あったが、
そんな時は、素粒子時代の師、**吉川圭二博士との「誓い」**を思い出して、
踏み止まるのであった。

こんな状態だから、頭の働きも悪く、まともな仕事やアイデアを期待できる筈もない。
我らが「骨チーム」も、投票後最初のプレゼンテーションでは
総監督からお褒めをいただいたものの、
その後は却下されてばかりだった。
（しかも、「何が悪い」のか、明確なフィードバックもないまま、、、。）
他のチームも似たり寄ったりで、
時が経つにつれて一つ欠け、二つ欠け、、、とうとう全滅した。

そして、「第2ラウンド」が2007年7月ごろから始まった。
私も「遺伝子重複チーム」に関わったりしたが、
（チームではなく全体的に）色々紛糾した挙句、あまり成果も上がらずに終わってしまった（記憶がある）。

そして、2008年に入ってから、どうやら私と（同じく研究室の）留学生、そして
「骨チーム」で一緒だった博士（男性）が（仮称）GGINP から解雇されるらしいという話を聞いた。
挽回すべく新たな研究の提案を3～4個ほど考え、現場監督に面会したが、
すでに解雇の意志は固いらしく、面会中、現場監督は私のアラ探しに終始していた。
（今思うと、それ以前からそんな感じだったかも知れないが、、、。）

一つだけ例を挙げておこう、
私が「（最近の系統研究では）げっ歯類と霊長類は姉妹グループになる」
と言う話をする、

彼は得意げにどこかからか、
げっ歯類が哺乳類中でもかなり外の方（根の近く）で分岐している
系統樹を引っ張り出して見せてくれた。

そこで私が、
「これはいつ作成された系統樹ですか？」
と尋ねると、彼は突然

「古かったら間違っているのか？」
みたいなことを言って怒り出した。
まあ、あくまで一般論ではあるが、
新しく作られた系統樹ほど、最新の（そしてより適切な）データや
最新の手法で作成されている可能性が高く、
従ってより正確である可能性が高いと私は思うのだが、
とてもそんな事を言い出せる雰囲気ではなかった。

[
ちなみに見せられた系統樹は恐らくミトコンドリアゲノム配列に基づいている。
ミトコンドリアゲノムは核ゲノムより十倍近く進化速度が速いので、
あまり遠くはなれた系統関係の推定には向かない。
そして、その様な時、げっ歯類の様に早く進化する系統は推定系統樹の
外側へ追いやられる傾向があることはよく知られている。
]

なんだか良く分からないが、
彼は常に自分が（私より）優位に立ってなければ気が済まない様であり、
こちらの説明に謙虚に耳を傾けるつもりは毛頭ない様であった。
これでは、初めから科学的議論をする土壌にはないと言え、
要するに上司が部下に命令する「トップダウン」の様式にならざるを得ない。
しかも、今、彼は私（の提案）を潰すことだけに集中していて、
建設的な意見はほとんどないのだ。

[
実は（最初の頃）1、2度だけ建設的な意見もあり、
私はそれを取り入れて予備解析をしたのだが、
彼が（指図して）予想していたのと少し違ったフォーマットにして見せた為に、
彼はそれに気づかなかったのかも知れない。
]

こうして、私は最早これ以上の議論は無駄だということを悟り、
彼らから「給料泥棒」という罵声をあびながら、
（仮称）GGINP を解雇されるのを甘んじて受け入れた。

非常に苦い経験であり、総監督、現場監督をはじめ、当事者の皆様方にも
多大なる迷惑をおかけしたことは素直に謝る。
しかしながら、今になって思うと、
本当に「給料泥棒」とまで言われなければならないのかは疑問が残る。

確かに、私はこの（仮称）GGINP に関して何の成果も残せなかったし、
それは申し訳なかったと心から思っている。
しかしながら、
決して何もしなかった訳ではなく、成果を出そうと色々努力した末の結果であり、
しかも、どうも上層部が、
（私に成果を出させない様に）わざと研究（提案）を潰しにかかっていたのではないか？
と思えなくもないのだ。

[
そうする理由としては、
（こちらには何の謂れもない、向こう側からの一方的な）個人的恨み、
私の関わっていた（特に骨の）研究が誰か彼らの知人の研究とカブっていた為、
（実は既に予算が削減されることは予想できていたので）研究室の違う私と留学生を解雇する名目を作る為、
等、色々考えられる。
]

むしろ、私はこのプロジェクトに雇われていた間、平均すると

研究室関係の業務：プロジェクト関係の業務 = 50 : 50

くらいの時間（あるいは作業 (efforts)）を割いて来た。

[
このことを受け入れ教官に話すと、
彼は「何故 30 : 70 くらいにしなかったんだ？」等と文句を言った。
、、、最初に「2、3割くらいだけ（プロジェクトに）割けばいい」
って言ってたのはどこのどなたでしたっけ？
]

しかもそれは、
1日平均して朝9時から夜12時まで働き、さらには土日休日返上の上なので、
実際には、（1日8時間、週5日を“100%”とすると、）

研究室関係の業務：プロジェクト関係の業務 = 90% : 90%

くらいは費やしてきたのだ。

[
それに、論文こそ出せなかったが、骨関連の研究グループに
骨関連遺伝子ネットワークに文献を調べて注釈 (annotation) をつけたものを提供し、
すこぶる評判が良かったとも聞いている。
（これにも総監督からは嫌味を言われたが、、、。）
]

結局、この（仮称）ゲノムワイド遺伝子相互作用網プロジェクトに参加して私に残ったものは：

**過労と睡眠不足でボロボロになった身体、
度重なる徹夜により悪化した（持病の）睡眠障害（および恐らく脳へのダメージ）、
そして
（上司からのパワハラ、モラハラにより）ズタズタにされた自尊心、**

であった。

そして、このプロジェクトと（次に話す）UH でのプロジェクトでの苦い経験から、私は、

**もう大人しく上司（あるいは指導教官）の指図を待つのはやめて、
（かつて素粒子論時代にそうしていたように）独力でどんどん研究を進めよう、**

と決心することとなる。

[
とは言え、このプロジェクトのおかげでその間は安定した給料が入ってくることとなり、
それは実際に有り難かった。
これに関しては、総監督、現場監督に心より感謝する。
]

[
また、総監督が最後に与えてくれた：
「大きな事をやりたければ、誰も飛び込んでいないところに飛び込まなければダメだ！」
という「教訓」だけは心に響いた。
、、、この「教訓」が、後に ANEX 研究開発の原動力の一つとなる、、、。
]

[2009/09 — 2011/06: University of Houston (UH) での多配列並べ (MSA) 誤り修正プロジェクト]

これも降って湧いた様な話で、（遺伝研）受け入れ教官の友人のとある UH 教授が
彼の新しいプロジェクトに参加するポストを探していると言う話があり、
急遽、私が「派遣」されることとなった。

このプロジェクトには2人の監督がいて、
その UH 教授が「総監督」、その部下の助教が「現場監督」といった感じだった。
（実際彼の腹の中までは分からないが、少なくとも表面的には）総監督とは良好な関係を保っていたが、
現場監督とは何となくソリが合わない様な気がした。

このプロジェクトでは、**多配列並べ**（multiple sequence alignment, **MSA**）で生じた**誤り**を検出して、
それを別の手法（スコア）を使って並べ直すことにより、誤りを修正し、より正確なMSAを構築するプログラムの開発を目指して
いた。

誤りの検出には、彼らが開発した MSA 誤り検出ソフトを用いる予定だったが、
暫くは、その予備段階として、
シミュレーションで生成した本物の（true）MSAと（外部の配列並べプログラムで）復元されたMSAを比較して
一致しない部分を取り出して用いた。

また、誤り部分を並べ直して代わりの MSAs の集合を与えるモジュール（プログラム）も既に開発済みの様であった。

私は**新たなスコアを与える手法**を考え出す様に言われ、
（塩基、アミノ酸）残基の配置から **MSAの確率**（＝系統樹&モデルの尤度）を（標準的な方法で）求め、
その**対数**をスコアに用いることを提案した。
これが（悪いことに）現場監督が考案した、最節約法に基づくスコアよりも
ずっと良い性能を示した。

そして、その後も私は様々な注意深い解析を行い、
例えばギャップの両端付近に配列の反復があるときには誤りが起きやすいことの「発見」
をしたり、その他、「正答率」が少しだけ向上する方法を幾つか提案したりした。

そして、プロジェクトも終わりに近づく、
実際に出来上がったプログラムを適用するのに適当なデータや問題を探す様に言われ、
幾つか探して提案した。

しかし、いよいよプロジェクトも終わる6月に入って、
突如、現場監督からプロジェクトの最終段階（MSA 誤り検出ソフトを使って検出した誤りの修正）の失敗を示唆するデータを示さ
れ、
プロジェクトは「**強制終了**」させられた。

しかし、**私はどこか合点がいかなかった。**
通常、最終段階が失敗しても、それまでがうまく行っていれば、
「敗戦処理」として、うまく行っているところだけかき集めて論文にするものである。
それもなしに、すべてを捨て去る彼らの態度に、
何か背後の「黒い影」を感じざるを得なかった。

今考えてみると、この、UH でのプロジェクトの終了前後は色々和不自然なことが起きていた。
例えば、
私がアメリカへの滞在を延長するのを目論んでポストドクを申し込んだ
総監督（UH）の知り合いの法医学専門家からは、なかなか返事が来なかったり、
私が総監督（UH）らと提出したNIH 助成金申請プロジェクトが今一納得いらない理由で reject されたり、、、。

この前後の私の行動を見てみると、何かヒントになるかも知れない。
その頃、受け入れ教官（遺伝研）が大分大学のとある博士のプロジェクトに私を薦めていたが、
私のパイオインフォマティクスの技能では役目を十分果たせそうにないと思い、
私はその誘いを固辞した。
また、総監督（UH）らとのNIH 助成金申請プロジェクトの準備のために集団遺伝学の専門知識&技能を
身につける必要があると思っていたところ、
受け入れ教官（遺伝研）が「うちの研究室に勤務して、葉山のある教授のところに通って集団遺伝学を学びなさい」と、
また、彼（の様なタフな人間）にしか出来そうにもない無茶な提案をして来たが、
既に（同じく葉山の）ある准教授の研究室にお世話になることが決まっていたので断った。
[
これは、それ以前に（日本における集団遺伝学の権威である）とある博士にコンタクトを取り、
その勧めで（彼の一番弟子の）准教授（葉山）にコンタクトを取ったという経緯があった。
（少なくとも私の知る「人付き合いの常識」では、
自分に近い知り合いとの「取引」（まだ不成立）と遠い知り合いとの「取引」（既に成立）との間で

選ばなければならない時は、後者を選ぶべきであり、今回、私はそれに則（のっと）っただけである。）

、、、こう見てくると、前述の「黒い影」の正体がおぼろげになってくるのである。

いずれにせよ、先の（仮称）GGINP とこの UH のプロジェクトで得た大きな教訓は、

**上司（指導教官）にプロジェクトの根幹部分を握らせてしまうと、
折角そこに多くの労力を捧げても、（最終的に）潰されてしまう可能性がある、**

であり、それと同時に、

私は（4人以上が関与する様な）大きなプロジェクトには向いていない、

ことを再確認することとなった。
（恐らく私のコミュニケーション障害気味なところが関係しているのであろう。）

もうひとつは、

**やはり、私はバイオインフォマティクス（あるいはIT）に関しては三流以下で、
科学の発展に重要な寄与をするには、
（私の最大の強みである）数理科学的能力をフルに発揮しなければ無理である、**

ことを痛感させられた日々であった。

[
これは、生来のコンピュータ嫌い（computer-phobia）に原因があると思っていて、
恐らく一種の発達障害の表れであろう。
]

とは言え、アメリカでの研究活動は私には良い経験となり、
（Princeton, MIT, Harvard 等ならいざ知らず、それ以外の一般の）アメリカの研究者も恐るるに足らない、
という自信にもつながった。

[
はっきり言って、日本の研究者が盲目的に欧米の研究者を「崇拝」しているのは、私には訳がわからないし、滑稽ですらある。
もちろん、（日本でもそうだが）「よくできる」者は向こうにも実際に存在し、私も彼らには敬意を払っている。
]

私を受け入れてくれた UH の総監督と現場監督、そしてそこで知り合った同僚達や友人達には心より感謝する。

[
他の研究者同様、
私のところにも時々、学術雑誌へ投稿された論文の査読の依頼が来ることがある。
当時は、自分の専門と合致する（あるいは大きく重なる）論文についてはできるだけ依頼を受け入れた。
でも、何故か知らないが、私の元に送られて来る論文は、
（そもそもの）問題設定、論理的展開、あるいはその後の（数学的操作も含む）解析手法、
のどれかしらに難のある「カス論文」がほとんどだった気がする。
（（共同）編集者は、「カスはいつにでも任せておけ」とでも考えているのだろうか？、、、ちょっと悲しい。）

（私の印象では、（物理にせよ生物にせよ、）（物のサイズや事象の確率などの）スケールについて
無頓着な研究が結構多い；スケールをちゃんと考えれば、そんなの「あり得ない」あるいは逆に「当たり前（trivial）である」
ことを得意げに主張する輩が結構多いのだ。、、、非常に嘆かわしい限りである。）

ちなみに、これは投稿論文に限った話ではない：あくまで私の経験だが、
私が読んだ雑誌掲載論文（のうちに私が専門的に評価可能なもの）の中で、
上記基準（下線部）に難が見つからなかった「無難な」論文は、全体の 1/2 から 1/3 くらいに過ぎなかったような気がする。
（これは Nature や Science といった「超有名どころ」でも例外ではない。）
（ちなみにこれは（ノーベル賞受賞者の）本庶佑博士が話されていた、
「Nature, Science に出ているものの9割は嘘で、、、」に比べると、かなり緩い基準であるが、
恐らくそれは、（理論家の）私は「理論（あるいは論理）の整合性」だけに着目している（せざるを得ない）のに対し、
本庶博士は実験等での検証ステップも通過したものの事を語っているからであろう。
（つまりは、理論的に「まとも」でも、そのほとんどは現実には起こらない、ことから違いが生じるのであろう。）

さて、私が UH にいた時、総監督から、
「Nature に面白い意見の応酬が載っている」、と読むのを勧められたことがあり、
それが、
Nature に掲載されたある論文に関するもので、その論文は UH での同僚の友人が書いたものであった。
そこで、必然的に、
私もその論文を読んでコメントせざるを得なくなった。

その研究は分子系統学の手法を応用しているのだが、
新たに「モデル選択理論」の手法を導入して、
現在実存する生物の「普遍的共通祖先 (universal common ancestor、UCA)」の有無を「根本的に」テストする方法
を考案した、と主張している。
、、、まあ、そう主張したいのなら、それはそれでも構わないが、、、
どうも胡散臭いのは、用いた入力データ（資料）で、
orthologous（つまり種分化で分岐した相同配列）と考えられる（生物界に）広く保存されたタンパク質の集合
を用いて、テストしたところ
圧倒的に UCA の存在が支持された、
と報告している。

（私は、
広く保存された orthologous なタンパク質を使えば、UCA が圧倒的に支持されるのは「当たり前 (trivial)」だろうが！
むしろ、そのようなタンパク質を用いた時点で（それはある意味、UCA の存在を暗黙に仮定しているのだから）
論理が巡回しているのでは？
と思った。）

もう少し中身を見てみると、著者はまず、
（広く使われている相同性検索ツールの）BLAST 等で「相同」と判定された配列も
単にその配列の類似性からそう推測されたに過ぎず、
必ずしも「真の相同配列」（即ち、共通祖先から由来した配列）とは限らない。
と主張した。
（、、、これ自体は、確かにそういう部分もあるので、問題はない。）

それから、これらに「モデル選択理論」を適用する為に、
タンパク質配列の MSA から計算される尤度（アミノ酸残基パターンの出現確率）に基づいた尺度
を計算し、それでUCA がある場合とない場合で比較しているのである。

（私は、
その尤度も、配列の類似性（もっと正確には残基の保存性）を元に、計算されているんですけど、、、
（配列同士が類似してるほど、尤度も高くなる
（従って、それが本当に相同か否かに関わらず、この「テスト」ではUCA を支持する））
、、、その前に言ってたことと矛盾してるのでは？
と思った。）

（一応補足すると、
相同性検索の際は、ランダムな配列同士の並びを「帰無仮説」に使い、それを「棄却」するものを「相同配列」と推定するが、
尤度計算の際は、（UCA かどうかに関わらず）共通祖先の進化に由来した状況を仮定し、
進化モデル（アミノ酸置換モデル）を用いて、アミノ酸残基パターンの出現確率を計算する、
という違いはあるが、大雑把に言って、どちらも
「配列が互いに似ていれば似ているほど（共通祖先由来の推測が）優位になる」という点では同じである。
（ましてや、orthologous と推測されているということは、単に一つと一つが似ているというだけでなく、
全ての配列がお互いに似ていることを示唆する。）
）

いずれにせよ、どう考えても、ここで使っているような入力データを用いる限りは、
この「テスト」は必ず「UCA の存在」を支持する筈であり、これはもはや「テスト」でも何でもない。

そこで、私はこの論文を「たわごと」（bullshit）と結論し、
その旨を（その理由と共に）UH の同僚&上司および（同僚を通じて）この著者に伝えた。

＜ただ、論文を今読み返してみると、
（この論文の「主要結果」である、この「UCA の有無」の「テスト」以外の部分では、）
この著者は結構まともなことを言っていて、（細かい部分では幾つか間違いも見られるものの）

それなりにしっかりした（分子進化学の）専門知識・技能を有していることが伺える。
しかし、そのせい（およびこの著者がかなり「弁が立つ」せい）で
上記の主張のおかしさが目立たなくなってしまっており、
ちょっと油断（あるいはボンヤリ）していると、容易に「丸め込まれ」（あるいは「煙に巻かれ」）そうなのが怖い。>

すると、著者がなんだか色々と反論して来たが、納得のいく説明はなかった。
特に、（この「テスト」は必ず「UCA の存在」を支持する、という私の批判に対し）
「複数の系統」を支持（？）する例として、
次の様な非常に奇妙な3つの人工的なアミノ酸配列（ここでは仮にA, B, C としておく）
を提示した（論文の補助資料の小節4.3）：
A と B とで同一のアミノ酸を持つ（そしてCは違う）サイトと
A と C とで同一のアミノ酸を持つ（そしてBは違う）サイトとが交互に現れ、
そしてBとCでは検出できる様な配列類似性はない。
これに彼の「テスト」を適用すると、「UCA の存在」よりも「複数の系統」が好まれたと言う。

そこで、私は更なる反論として、

1、そもそも、著者が使った“orthologous”なタンパク質配列（複数）は、そんな奇妙な例ではない。
（現に、著者自身が、「互いに高いレベルの配列同一性を有している」と語っている。）
だから、**本文での彼のテストで「UCA の存在」の指示を疑う余地もない**。（つまり、彼のテストはやはり無意味である。）

2、もし仮にそんな奇妙な例が実在するならば、恐らくそれは、
タンパク質A が2つの機能を有し、
タンパク質BとCは、どちらもA（の祖先）から由来したが、
それぞれ1つずつ別の機能だけを保存し、残りの機能は失われた（、そして長時間の進化を経験した）
結果だろう。もしそうした、
「（保持された機能での）非常に強い機能的制約（＝アミノ酸の保存）＋（失われた機能での）緩和した制約（＝中立進化）」
というモデルを組み込めば、
（本来正しい筈の）「UCA の存在」が「複数の系統」よりも好まれた筈である。

従って、著者が（その「テスト」を正当化する為に）導入した**この奇妙な例は、むしろ、この「テスト」（あるいは「モデル選択理論」一般）の欠陥を明らかにした、**

と論じた。

そして、（この時点で「勝利」を確信した私は）
ちょうどその時期が UH でのプロジェクトの「追い込み」期だった事もあり、
「申し訳ないが、もうこれ以上は議論はできない。（残りがしたければプロジェクト後に！）」

と言って、それ以上の著者とのやりとりを止めた。
（今となってみると、この対応がマズかった様な気もするが、
私は「マルチタスク」が非常に苦手な人間なので、仕方なかった。）

今思うに、
この一件がその後の私と UH 時代の上司（2人）や同僚との間の関係に暗い影を落とした
気がしてならない。
同僚に関しては、自分の友人の論文にイチャモンをつけられて、決して良い気はしなかったろうし、
更に問題なのは、
もしも、上司（の一方もしくは両方）がこの論文の査読に関わっていたら、
あるいは、私よりも前に（私的に）ポジティブなコメントをしていたとしたら、
私は知らず知らずのうちに彼らの面目を潰したことになる。
（そして（少なくとも片方が）どちらかを行っていた可能性は非常に高いと思う。）
（考えて見たら、
そもそも、総監督が、その論文に関する「意見の応酬」を我々に勧めた時点で、「ほぼ確定」である。）

私は普段無口で彼らと議論を交わしたことはあまりなかったし、
私がよく（ほぼ月一のペースで）提出していた進捗報告はしばしば数学的で
果たして彼らがどれくらい理解していたか？は疑問である。
そして、立場上は、彼らが私を「採用した」のであるから、彼らの方が「上」である。
これらの状況を鑑みるに、
彼らは当時（そして今もだが）私のことを「下」にみていた（る）筈である。

人間（特にプライドの高い研究者）は、
「下」の者に面目を潰されると、（それが適切ではないと頭では解っていたとしても、心の奥では）
その者に恨み（あるいは憎悪）を抱くものである。
（（仮称）GGINP の時も、（知らず知らずのうちに）そんなことがあった可能性は否定できない。）

それが、その後、私の身に起こった「おかしな出来事」の一因になった可能性は否定できない。
]

【 2011/07 — 2013/04: 総研大葉山での集団遺伝学の研究 】

正直言って、葉山での受け入れ教官には感謝の言葉しかない。

もともとUHで提出したNIH 助成金申請プロジェクトが始まるまでの数ヶ月という約束だったところを、
プロジェクトが reject されると受け入れを2年近くまで延ばしてくれ、
また、彼との共著論文も二本、雑誌に掲載することができた。

あと1、2本くらい共同研究ができれば更に良かったが、それは贅沢を言い過ぎかも知れない。

また、研究室のメンバーやその他の葉山の皆さんにも私の様な変わり者を受け入れて頂き
感謝している。

（（京大出身者の特徴なのか）彼ら（の一部）のちょっとおちゃらけた感じはあまり好きではなかったが、
それはあくまで個人の好みの問題である。）

個人的な問題としては、
この頃は（母も含め）多くの大切な人々をなくし、悲しみにくれた時期であり、
それと同時に、
（恐らくは（仮称）GGINP の頃からの）体調不良が再び現れ始め、
「いよいよ先も長くないかも、」と考える様になって来た。

そこで、**次の九工大には「最後（最期）の一花」を咲かせる覚悟で臨むこととなった。**

【 2013/04 — 2016/09: 九州工業大学（九工大）での多配列並べ（MSA）の研究 】

九工大の受け入れ教官の下では、まず3ヶ月間、研修生として、
その後、7月から職員（科学研究支援員）として、研究することになった。

九工大に移って暫くは、勤務時間中は受け入れ教官（九工大）の科研費プロジェクトを手伝い、
帰宅してから MSA の研究をしたが、
2014年度からは MSA の研究を主体にする様になった。
その際、私は給与はいらないと申し出たが、受け入れ教官（九工大）の厚意により給与は支給され続けた。

この時期は体調がすぐれなかったので、3年半の間ほぼずっと、九工大のある飯塚にこもり続け、
実家に帰省するのも全部で2、3度くらいしかなかった。

この**研究プロジェクトの前半部分（理論構築と MSA 誤りの特徴付け）**は、
UH 時代の元上司達（二人）との共同研究という名目で行い、
後半部分（新しい（統計的）MSA プログラムの開発）は受け入れ教官（九工大）との共同研究になる予定だった。

このプロジェクト（前半部分）の論文は数奇な運命を辿り続けた。

まず、理論構築に関する論文は、2014年9月に BMC Bioinformatics に投稿した。
この雑誌は、査読プロセスが早く、通常、投稿から1ヶ月以内には決定が下されるのだが、
何故か2ヶ月を過ぎても音沙汰がなかったので、編集部にお問い合わせみると、
3ヶ月を過ぎた頃ようやく決定（reject）をよこした。
理由は「十分に数学的厳密でなく、この分野の関連研究を満足に議論してないから」
ということだった。しかし、私は後半部分は認めるものの、前半部分には異議があった。

とりあえず、3人の審判 (referees) のコメントを簡潔に記述する。

----- (3人の審判 (referees) のコメント：始め) -----

(審判1) これはかなり敵対的 (hostile) なコメントで、必死にこの論文の雑誌掲載を阻止しようとしているのが伺える。まず、そもそも我々が問題にすらしていないことを敢えて問題として掲げている (系統樹復元への応用、非常に多数の配列がある時の応用等)

、、、これらは Discussions で注意喚起しておけば十分である。

更には、論文の体裁 (英語を含む) に対してうるさく注文をつけすぎである；論文の体裁なんか、一通りではないのだ！

(まあ、もう少し簡潔に記述した方がよかったかも知れないが、、、。)

そして、「数学的厳密性が欠けている」と主張し、

その根拠としては「証明が有限次元 (確率) 分布で表現されてなく、大学学部生レベルの無限小 (時間区間) を用いているから」だそうだが、

無限小を用いたって、厳密な証明はできる。(そもそも確率分布を導入する際は無限小'を使っている筈である。)

したがって、彼/彼女のこの主張は全く根拠に乏しい。

唯二つ、参考になる点があるとすれば、それは、アルゴリズムの time-complexity は議論すべきだったかも知れないということと、
彼/彼女が引用した Paten et al. (2008. Genome Res. 18:1829-1843) は読んで議論した方が良かったかも知れないということだ。

(審判2) これは逆に一番好意的なコメントである。

「この分野で突出して値打ちのある興味深い論文」と評している。

しかし、幾つか注文があった、(1) 非相同残基が含まれたギャップあり領域の表現のあいまいさをなくすこと；

(2) 数式中の表記 (notation) をしっかり説明すること；(3) 追加ファイルがあまりにも多いので、もっと少数にまとめること；

(4) 実際の復元 MSA には間違いが多くあるので、それを改善しないとこの方法を適用できないことを、正直に議論すること；

(5) 関連論文として、Eddy & Rivas の挿入/欠失に関する研究を引用すること；(6) 不必要な詳細を省いて本文を読みやすくすること。

(審判3) これは、論文の価値を認めつつも、幾つかの先行研究を適切に引用しないことに憤慨している。

彼/彼女はこの論文の特長 (= 一般的 (非幾何分布的) な挿入/欠失長さ分布をもったモデルを使った

(PWAでなく) MSAの確率 (尤度) が計算できる手法) を適切に指摘し、

「この分野で重要な論文」と評した上で、

かなり多くの注文 (改定の要求) をしている。

あまりにも細かい専門的すぎるコメントを除いてまとめると、

(1) 挿入/欠失のモデルを (追加ファイルではなく) 本文中に完全に記述し、モデルの議論を論文の初めの方です。

(2) MSA の確率を Holmes and Bruno (2001. Bioinformatics 17:803-820) の様に、
根 (root) の配列の確率と各枝における祖先配列と子孫配列のPWA の確率の積に書き換えて議論する。

(3) 統計的配列並べに関する過去の幾つかの論文 (とりわけ、Mikl\`o)s, Lunter, Holmes (2004. Mol Biol Evol. 21:529-540) を引用して議論する。

(4) この論文の方法では系統樹が固定されて (与えられて) いることを明記する。

(5) 言葉の選択について：“theoretical framework” よりも、もっと具体的な “model”, “expression”, “algorithm” を使う方が望ましい。

(後、マイナーなコメントが幾つか続くが、技術的すぎるので割愛。(それらは全て解決 (あるいは回答) 可能である。))

最後に、15ページの Eq.(1) について細々したコメントが数個あったが、

今読み返すと、確かにこの等式の表記 (notation) は十分に定義、説明してなかったので、

恐らく審判に混乱を与えてしまった様である。

これらは、等式の表記をしっかり説明することにより、解決できる。

と、要は、幾つかのカギとなる論文を読んできちんと引用し、

この論文で使用している挿入/欠失モデル自体をしっかりと定義、説明しさえすれば、

この審判3の注文にほぼ答えたことになる。

----- (3人の審判 (referees) のコメント：終わり) -----

この様に、非常に敵対的な審判1を「外れ値」として除外してしまえば、

せいぜい major revision で再投稿すれば問題ないことになる。

それを敢えて reject したところに悪意を感じ、(決定まで3ヶ月以上かかったことも併せて)

「はじめてから reject ありき」だったのではないかと勘ぐってしまう。

だが、取り敢えずここはグッとこらえて、審判達が示唆してくれた論文とそこで引用されている重要な論文 (全部で数10本) を読んでから、対策を考え直すこととした。

約1ヶ月の間にそれらの論文を読んで検討したところ、
統計的配列並べの研究の進展、現状に関して、以下の事がわかった：

- (1) ほとんどの研究は 隠れマルコフモデル (Hidden Markov Model, HMM)、もしくはその変形版である transducer に基づいている；
- (2) しかしながら、特に標準的な HMM が「真の (genuine) 配列進化モデル」から導出された、という証明も証拠も見当たらない；
- (3) とは言うものの、Mikl¹[o]s, Lunter, Holmes (2004) の “long indel” model だけは、
(それが空間的に均質で、時間可逆出来である、という縛りはあるものの) 「真の (genuine) 配列進化モデル」から導出されている。
ただし、この研究はもっぱら配列対並べ (PWA) に関してであり、未だ多配列並べ (MSA) には適用されていない。

従って、我々の研究が「**真の (genuine) 配列進化モデル**」を用いていることを強調し、
また、それを MSA に適用していることを強調すれば、
それだけで十分に雑誌掲載の価値があることを主張できそうである。

それに加え、前回投稿した時は、もっぱら挿入／欠失の最節約的な歴史のみを扱っていたが、
(アルゴリズムはまだとしても) **理論的形式** (ここでは敢えて「理論的枠組み (theoretical framework)」という言葉の使用は避ける)
を**一般的な挿入／欠失の歴史にも適用可能**にすることにより、
さらに**将来の有用性**を広げることができる。

更に、そうやって色々考えているうちに、

- (イ) 私は、我々の理論形式を、(既に時間可逆性の縛りはなかったが、) 必ずしも空間的に均質でない、
一般的な挿入／欠失のモデルに拡張可能であることに気づき、その様書き換えることとした。
これにより、Mikl¹[o]s, Lunter, Holmes (2004) が仮定した ギャップなしカラム (列) で隔てられた領域の確率 (への寄与) の独立性 (因数分解)
は一般には成立しないが、ある条件を満たす時には成立することを示した。
(この時、直感的に分かりやすくする為、量子力学の演算子表記の方法を借用した。
また、**連続時間マルコフモデル** (真の配列進化モデルの一種) の時間微分方程式を、量子力学の時間依存摂動論の手法を応用して、
積分方程式に書き直し、(解を挿入／欠失の歴史に関する総和として書き表すことにより) 形式的に「解く」ことに成功した。) また、
(ロ) 挿入／欠失の**最節約的歴史**だけでなく、それに次ぐ挿入／欠失の歴史も考察することとし、
それに加え
(ハ) PWA の、孤立した連続する同タイプのギャップの出現確率を「実質的に正確に」**数値計算するアルゴリズム**を編み出した。

この様にして、前のバージョンよりもずっとパワーアップした内容で、論文を書き直した結果、
本文 (参考文献リスト含む) 198ページ、追加ファイル3つ (47+47+48=142ページ) という「大作」
となってしまった。(作成期間は2015年の2月から6月)

そして、前回の3人の審判のコメントに対する丁寧な返事を添えた cover letter も作成して、
UH 時代の元上司達に送りつけたら、あからさまに嫌な顔をされ、
特に、審判への返事が長すぎると文句を言われた。
(そんなこと言ったら、もともとの審判のコメントが長いんだから、
丁寧かつ誠実に答えたら長くなるのは仕方ない筈だが、、、)
[
この時が、私が
「実は、彼らが審判1と結託して、前回の論文の雑誌掲載を阻止しようとしたのでは？」
と疑いを持った瞬間だった。
]

それはともあれ、総監督 (UH) が「今のままでは論文としては長すぎる」と言って、3つの選択肢を示した：

- (1) 専門書 (monograph) としての出版をめざす；
 - (2) 論文を幾つかに分割して、それぞれの出版を目指す；
 - (3) 出版はせずに、ArXiv や bioRxiv 等のプレプリントサーバに掲示して、SNS 等で宣伝し、
それらを短くまとめたバージョンを作成してその出版を目指す。
- 私は、(1)、(2) は余計に時間を要する危険があると感じたので、
(3) にすることにした。

まず、プレプリントサーバに掲示しやすい様に、
論文を内容的に区切りのいいところで4つに分割し、
まずはArXiv への掲示を検討したが、色々と条件がうるさそうだったので、
bioRxiv の方へ掲示した。(2015/08/04)

それから短い、ある意味、総説の様なバージョンを作成し、
審判への返事に関して総監督 (UH) に文句をいわれたので、それを提出する必要のない雑誌として、
Journal of Molecular Evolution へ提出した。(2015/09/02)

[
短いバージョンの作成の際、総監督 (UH) と 現場監督 (UH) とのやり取りの中、
またもや、現場監督 (UH) とのいさかいが生じ、とうとう彼は共著者から降りてしまった。
前回の投稿で、かなりの「抵抗勢力」(当時私は「HMM 学派」の連中だと思っていた)が存在すると感じていた私は、
当時(体調不良のため)もう先が長くないと感じており、
(実はあまり MSA の問題には詳しくない) 総監督 (UH) だけが残された時に「抵抗勢力」に対抗できるか不安があったので、
彼に共著者でい続けるかどうか、再確認した。
彼は、私の真意を悟ったのか、共著者を降りた。
]

[
本当のことを言うと、総監督 (UH) が共著者を降りた理由はよくわからない。
彼自身は理由として「本の執筆で忙しい」と語っており、
実際、彼の著書は(ある有名な学術的出版社から)2016 年に出版された様である。
だが、ひょっとしたら彼は、
私が(彼を共著者にするによって)彼の名声を利用しようとしているのでは？
と疑っていたのかも知れない。

私が九工大に移りたての頃(2013-2014)、UH 時代の友人から論文をチェックする様に再三頼まれた事がある。
その友人は、私が UH にいた頃に大変お世話になった、いわば「恩人」なので、
体調も悪く、本当は自分の研究に専念したいところだったが、その依頼に応じて論文をチェックしたり新たな解析の提案をしたり
した。
ただ、その論文の内容がどうも斬新さに欠けた為、
このままで学術雑誌に accept されるのだろうか？論文の読み手はいるのだろうか？
等と不安を感じた私はつい、
総監督 (UH) の名声を利用するしかないね
みたいな「助言」を彼にしてしまった。
それが彼から 総監督 (UH) に(善意でありながらも「伝言ゲーム」の様に)
いささかねじ曲がった形で伝わってしまった可能性がある。

私は、私自身の(とりわけこの MSA 関係の)研究はその分野に「革命」をもたらし得る重要かつ画期的な研究だと思っているの
で、
(自分自身の研究に関して)「総監督 (UH) の名声を利用しよう」等とはこれっぽっちも考えた事はなく、
むしろ、彼を共著者にするによって、彼の名声を更に高めて「恩返し」しよう、とずっと思っていた。

しかしながら、今振り返るに、
その様な私の思いは少し「楽観的」だったというか「傲慢」だった様な気もしている。
どうやら、この分野の研究者はあまりにも斬新すぎる研究には警戒してしまう様である。
一つの理由としては、
私の研究はそれまでの相同配列解析&分子進化関係の教科書にはない様な数学を多用している為、
彼らに取って解りにくい、というのもあるのかも知れない。
しかし、
この世の中に「理論家」によって成された「胡散臭い」研究が山ほどあるために、警戒せざるを得ない、
というのが、恐らくもっと大きな理由であろう。

これは本当に残念な事である。

私は名古屋大の指導教官の薫陶を受けて以来、
常に生物および生物学を尊重しながら、
現実の生物進化(今の場合は分子進化)の系の振る舞い(あるいは実験や配列データ解析の結果)に忠実に従うことを目指して
この MSA の研究を進めて来たのであり、
そう言う意味もあって、**私のこの研究は「超正統派」の研究である。**(そこにある数式をきちんと理解していただければ自ずと解

る。)
それを、
実際の生物（学）をほとんど顧みずに無理やり何らかの数学的（あるいは物理的）手法を適用した様な
「胡散臭い」研究とは一緒にして欲しくはないのだ。
]

そして、2ヶ月が経って、JME の編集部にお問い合わせると、すぐに reject の決定を聞かされた。（2015/11/04）

これもいささか不公平、不適切な決定だと思った。

以下、内容を見てみよう。

まず、編集長は、「2つの外部からの査読と一つの内部での査読に基づき」
と言っているが、「内部の査読」は（非好意的な方の）外部の査読をそのまま踏襲しているだけで、
（「最高基準に達していない」という何とも曖昧な表現以外）何も新しい事は言っていないので、
あまり意味がない。（単なる「人気投票」みたいなものである。）

問題は、従って、「2つの外部からの査読」がいかなるものか？に絞られる。

-----（2つの外部からの査読：始め）-----

査読者 No. 1: こちらは、明らかに論文のテーマ、挿入／欠失による分子進化モデルの下での
配列並びの確率計算の手法、に関する専門家である（ご丁寧に署名までしている）。
彼は、「この論文は、（この分野で）過去20年間に書かれた中で最も重要な論文の一つである」
とまで褒めちぎっている。

その後、幾つか細かい不満や批判が続くが、幾つかの批判は恐らく彼の誤解に基づいているので、
説明すれば解消することは可能であろう。
（実際、私はその後、彼とEメールを数回交わし、彼の誤解を解いている。）

そして、「私はこれはきわめて重大かつ重要な論文で、統計的系統学を
「配列並びはいつも正しくそれでいて挿入／欠失は尤度計算に使えない」という素朴で矛盾した仮定を超えて前進させるのを助ける
だろう、と信ずる」
と結論している。

査読者 No. 2: こちらは、（論文のテーマに関しては素人だが、）生物に関連した確率モデルを専門とする理論物理学者らしい。

第一段落で、彼はいきなり告白する
「草稿に数日費したが、挫折した：私にとって、この論文は、理解不能だ。」
、、、それは彼に十分な専門知識がないためであり、だったら、初めっから査読を引き受けるな！！

第2段落：
「この論文はこの研究全体の4番目の部分に過ぎない。」
、、、彼は完全に読み間違えている。
この論文（実際は総説の様なもの）は4つの論文を簡潔にまとめたものである（、と彼が指摘した箇所には明確に書いてある）。
[
どうやら、“gist”（要点、骨子）を“last”（最後）と勘違いした様だ。
]
、、、こんな簡単な英文も読み間違える様な英語力では、
（自分の専門と真ん中以外の）論文が理解できないのも不思議はない。

「いずれにせよ、JME に投稿される論文は自己完結してなくてはならない、読者がどんなモデルについて語っているか理解するために、
更に200ページ以上も読む必要がない様に。」
、、、bioRxiv の論文はオープンソースなので、自由に読んだりダウンロードできる。
従って、それらにある意味、論文の「補足資料」と見做してしまえば、「自己完結」している。
更に、4つの bioRxiv の論文それぞれには、扱うトピックを示すサブタイトルと目次がついているので、
それを見ればモデルについての記述がどこにあるかは（十分な英語力さえあれば）すぐにわかる。
[
それに、現論文では、どの bioRxiv の論文のどの部分を参照すべきか、具体的に示しているので、まともな人間なら迷うべく苦もない。
]

[
それでもわからないとしたら、それは査読者の英語力不足、あるいは常識的知性不足、のせいである。
]

それに、例えば Nature や Science では、本文は10ページ前後でも補足資料の合計が数百ページを超える様な論文はそう珍しくない。

何故、それらの論文は accept され、この論文は reject されねばならんのだ？
それは「**二重基準 (double standard)**」ではないのか？

第3段落：

「私の印象では著者は『車輪を再発見して』いる様である。
、、、それが有用であるかどうかは、最新の文献との関連がなければ判断が難しい。」
、、、まあ、確かに「車輪の再発見」かも知れない（あるいは、でないかも知れない）が、（仮にそうだとして、）
その「再発見」が「（非常に）有用か、そうでないか、」は、
その文脈（当該分野の発展状況）により、決まる。
今、この分野の1人の専門家（査読者1）が「これは非常に有用だ」と証言しているのであるから、
（分野についての知識のない）「外野」がとやかく口出しする筋合いのものではない。
この分野の外部で開発されたモデルとの関係を論ずるのは、（分野の専門家はそもそも興味ないだろうから）この論文で扱う範囲外である。
（もしどうしてもそうして欲しいのなら、具体的に文献を示すべきである。）

いずれにせよ、**この査読者2は**、分野の専門家ではないのだから、**そもそも査読に適任ではない。**

-----（2つの外部からの査読：終わり）-----

何故、この様な、**あからさまに不公平、不適切な査読プロセス**が行われたのか？

今、私ははっきり分かった。
恐らくこれは、総監督（UH）の私への「**復讐 (revenge)**」である。

どうやら、（彼を「抵抗勢力」からの「攻撃」から守りたいという）私の真意は
彼には伝わっていなかった様である。

[
（いつも「金、金」と言っている位）強欲な）彼は恐らく、私が authorship を独り占めする為に、
彼を「追い出した」とでも思ったのであろう。
]
[
そもそも、この論文は私の単著にした方が、出版倫理にもなっているのであるが、恐らく彼の感覚ではそうではないのかも知れない。
]
[
また、私が（HMM学派からの）「抵抗勢力」と思っていたのが、そもそも彼の差し金だったとしたら、
（彼が「攻撃」される筈がないので、）この論文の共著者を降るのは彼にとってはデメリットしかないことになる。
]

何故、総監督（UH）の「復讐」と結論できるか？
それは、**私には査読者2が何者かが（ほぼ確実に）分かっている**からである。

実は、（完全版の）論文を bioRxiv に掲示する前後に、
総監督（UH）が彼の知り合いの「物理学者」に
論文の（私的な）査読を頼んだことがあった。
彼／彼女は、論文のあまりのボリュームに狼狽し、全く不適切な、トンチンカンな説明を総監督（UH）にしたので、
私がそれを正したことがあった。

[
そもそも彼／彼女が、分かってもいないのに分かった風な口を聞いたのが悪いのではあるが、
彼／彼女からすれば、私は「恥をかかせた」「につっき奴」として記憶に残っているのであろう。
]

そして、その「物理学者」と今回の査読者2のプロフィールと言っている事がちょうど合致するので、
まず間違いなく、両者は一致する筈である。

恐らく、今回、私に「恨み」を抱いた総監督（UH）が、（恐らく JME 編集部に頼むか圧力をかけて）

その（これも私に「恨み」を抱く）「物理学者」を査読者の一人に加えたのであろう。

それだけでなく、「内部からの査読」を行なった共同編集者 (associate editor) も微妙な立場の人物である。彼／彼女は、私が UH にいた時の同僚の一人が移った先の大学における同僚なのだ。

そして、その私の同僚も、ひょっとすると、私に対してあまり良い感情を抱いていない可能性はある。

[

何故なら、（既に記述した様に）彼の友人の一人の論文の「インチキ」を私が暴露したことがあるからだ。、、、これも、そもそもは、そんな「インチキ」を論文として発表してしまったその友人が悪いのであるが、人間は「理性」ではなく「感情」の生き物ゆえに、（しかも私は黄色人種、彼は白人なので、）私を「にっくき奴」とインプットしている可能性は低くはない。

]

そんな訳で、ドロドロした人間模様（というか、すべて私への「（自分勝手な）恨み」）の結果、不公平、不適切な査読プロセスが公然と行われ、私の論文は reject された、というのが、（全てがおわった今、振り返ってみた）私の推測である。

、、、これって一種の「いじめ」だよね？、、、しかも、人種差別が絡んでいる可能性すらある。

しかも、総監督 (UH) は声の大きい人物だから、私への、その （自分勝手な）恨みつらみをあちこちで言い触らしている 可能性がある。

[

特に受け入れ教官（遺伝研）も含めた、分子進化で大きな影響力を持つ一派あたりには伝わっていそうである。

]

一方、

私は、そもそも無口な上にここ数年（5年以上）は体調不良で（学会などに）遠出することはほぼ皆無だった為、弁明のチャンスもないまま、「悪人」のイメージが広まってしまっているのかも知れない。

JME に reject された後、私は、抗議 (appeal) しようと思えばできたとは思うのだが、そうしなかった。

理由は、JME の読者層が近年変わって来ている ことを感じていたからだ；

最近の JME の目次を見ると、化学進化の様な研究が多くて、

あまり（系統樹や配列並べに関する）正統派の分子進化の論文は見られなくなっている様であった；

JME はもはやかつての様な「（正統派）分子進化学のフォーラム」ではなくなった様におぼろげに感じていたが、今回の不適切な査読プロセスでその思いをより強くした。

そして、論文を高く評価してくれた 査読者 1 に Eメールし、忙しい中、査読してくれたこと、論文を高く評価してくれたことを感謝した。そして、その後数回メールを交換し、お互いの誤解や疑問を解消したり、意見を交わしたりした。

さて、JME の決定を待っている間、

私は、もう一つの、**MSA の誤りの特徴づけに関する論文**（後の Ezawa 2016a）の仕上げをしていた。

そして、仕上がった草稿をまず 現場監督 (UH) に送ると、

「私（現場監督 (UH) ）を共著者から外してくれ」という返事があった。

この論文では、できる限り彼の authorship を正当化できる様に、彼がシミュレーションで作成した配列データ（とその真の MSA）のセットを用いていた。そこで、共著者から外して欲しい理由に加えて、データ生成のさいのパラメータ設定について、尋ねるメールを出した。すると、彼からは、

「お前を相手にしている時間もなければ（相手に）したくもない。二度とメールをよこすな。」

[

一応、彼の名誉のために言うておくが、彼は発達障害的なところがある。また、後で知ったが、この頃は Nature に載せる論文の準備等で忙しかった様である。

]

という返事があったので、**私は**、これまでの彼の数々の厚意に対する丁重な感謝

（とひどい仕打ちに対するちょっとした不平）を述べて、
彼（現場監督（UH））との永遠の別れを宣言したのであった。

続いて**総監督（UH）**に草稿を送ると、彼は（いつもの様に）英語表現を多少添削し、

「Good luck」

と言って、**彼もまた共著者を降りた。**

[
彼は「本の出版準備で忙しい」と言っていた。実際、2016年に彼の本が出版された様である。
]

そこで、この論文も私の単著となり、
その後さらに幾らか書き換えて、BMC Bioinformatics に投稿した。（2015/11/10）

何故かはよくわからないが、今度はそれなりのタイミングで編集者からの決定が来た。（2015/12/09）
しかも、2つの査読は両方ともその道のプロが担当し、公正に行われている様だった。

二人の査読者は、各々、この研究を興味深く価値あると評してくれたが、
幾つかの注文（懸念）もつけて来た。
その中には、案の定、現場監督（UH）のデータセットに関する数々の質問&懸念が含まれていた。
例えば、彼のデータセットはタンパク質のMSA データベースに似せる様にシミュレーションされていたが、
私が今回用いた方法（完全尤度スコア）はどちらかというと（非コード領域の）DNA配列の進化を
想定している。

そこで、私は、（現場監督（UH）はもう共著者でなくなったので）
DNA ゲノム配列の進化に似せたシミュレーション（ただし、置換／挿入／欠失のみ）で
データセットを生成し直し、それを用いて前回同様の解析をやり直し、
査読者達の他の注文や懸念も考慮に入れて論文を書き直し、再提出した。（2016/01/15）

今度も1ヶ月以内に編集者からの決定が届き（2016/02/10）、事務的な問題を指摘されたものの、実質的に accept され、
更に再提出して完全に accept された。（2016/02/13）

それから校正（proof）までは円滑に終わった（2016/02/17）、が、
何故か、論文処理料金（article processing charge）の徴収／支払いが滞り、
何度も問い合わせをして、ようやく支払うことができ（2016/03/18）、
論文が雑誌に掲載された。（2016/03/19）

一方、**もう一つの論文（理論構築に関する）**については、
少なくとも既に bioRxiv には掲示されているので、
私はもう雑誌投稿はせずに、
プロジェクトの後半部分（つまり、新しい MSA プログラムの開発）を進めようと思っていた。

しかし、受け例教官（九工大）が論文をもう一度書いて雑誌投稿する様に熱心に勧めたので、
まんまと乗せられて、そうすることに決めた。

[
今思えば、この時彼の勧めに乗らなければ、我々の新しい統計的 MSA プログラム、
ANEX (alignment neighborhood explorer)、の完成は1年半は早まったであろう。
]

私は前回の JME への投稿時に査読者1から受けた高評価を鑑み、
論文をさらに、**数学的理論部分**（後の Ezawa 2016b）と、
アルゴリズムやシミュレーション「実験」を扱った部分（後の Ezawa 2016c）、
に**2分割**した方が無理なくサイズの手頃な論文に出来ると思い、そうすることにした。

数学的理論部分（後の Ezawa 2016b）は、2016年1月終わり頃から準備をはじめ、
書き終えて投稿したのは（2016/03/01）であった。

[
再び BMC Bioinformatics に投稿した。
これは、（総監督（UH）に「長い」と文句を言われた）審判のコメントへの返事も送りつけることを意味した。
]

そして、この時に私は「**秘密兵器**」を投入した：
JME投稿論文の査読者1に「**推薦状 (letter of recommendation)**」を書いてもらって、それを（自分の手紙および審判への返事と共に）編集部に送りつけたのだ。
これは、これまで彼らに散々、不公平で不適切と思える査読プロセスをされ続けてきたので（注：BMC と JME は共に Springer group に属する）、この論文の（分野における）重要性をまず編集部に認識させ、
いい加減な扱いをさせない様に牽制する目的でしたのであった。

[
編集部に送った手紙（Eメール）の中で、私は、「推薦状」は編集者だけが参照し、
（公正な査読プロセスを保証するために）査読者には見せない様に、断っておいた。

]
[
こちら辺の一連の書類は、3月3、4日頃送られた。
]

[
一方、JME投稿論文の査読者1には、「推薦状」を書いてもらう見返りとして、論文が雑誌掲載された暁には、彼に「**論評 (commentary)**」を書いてもらう様に編集部に勧めることを申し出た；
これにより、彼には、「最初にこの論文の価値を見出した人物」としての名誉が残ることになる。
（と同時に、この論文には彼の「お墨付き」が与えられることとなる（苦だった）。）
]

[
一方、トラブルの種をできる限り潰すため、JME の編集部にも予め（2016/02/29）Eメールを送り、
原稿は改定したが、（JME での高い掲載費用と読者層の変化を理由に、）他の雑誌に投稿することを通達した。
]

さて、編集者の決定は1ヶ月ちょっと過ぎて来た。（2016/04/07）

驚いたことに、二人の査読者のうち、一人目はまたJME投稿論文の査読者1だった。
（彼は推薦状をまるごとそのままコメントとして使用した。）

私は、これが「公正な査読プロセス」にあたるのだろうか？」と少し疑問を感じたが、

彼を「好意的な」者達の代表とし、もう一人を「（これまで）非好意的（だった）」者達から選べば、
一応「公正さ」は保証されるだろう、

と思って容認することとした。

しかしながら、二人目の査読者（恐らく「（これまで）非好意的（だった）」者と思われる（でも、具体的に誰だかは推量不能））
のコメントも（「理解するのが難しい」との不満をにじませながらも）
やたらと好意的なトーンになっているのが何か引っかかった。
が、ここでは不問とした。

編集者の決定は、（査読者2が助言した）主な結果をまとめた一覧を加え、
更に（（共同）編集者の要請で）追加ファイルにできる限り bioRxiv 論文の結果を含めて、
書き直せば accept する、というものだった。

そこで、要請された様へ書き直し、再投稿した。（2016/04/20）
この際に私は驚いた。
何故か、私が「（公正な査読プロセスを保証する為に）査読者には見せない様に」と言っていた、
例の「推薦状」が、古い「補助資料」の中に含まれていたのだ！！

[
私は断じてしていないので、これは恐らく編集者が間違っ（あるいは故意に）やったことである。
]
これで、査読者2のコメントがやたらと好意的になっていた理由が分かった気がした。

私は、再投稿の際に、「推薦状」は削除し、
そのことを査読者への返事の「追伸」で知らせ、

また、査読者1にこの「事故」の詫びを入れた。

[
これにより、査読者2が心変わりする余地を残したので、
公正な査読プロセスはかろうじて保証された筈である。
本当は、査読者を入れ替えて査読の完全なやり直しをした方が良かったのだが、
私の「引退」があと5ヶ月先に迫っていたので、そこまでの時間はないと判断した。
]

その後、2週間経っても音沙汰がなかったので、
私は authorship の問題が引っかかっているのかも知れないと思い、
編集部に手紙（Eメール）を書いて、
何故、現場監督（UH）と 総監督（UH）が共著者から外れたか、
その事情を私の知る限り懇切丁寧に説明した。 (2016/05/03)

その後さらに3週間を経て、小幅な改定をしたのち、編集部の**最終決定 (accept)** が来た。(2016/05/23)

[
そして、この数週間後に、論文処理料金（article processing charge）の支払いは済ませた。(2016/06/15)
]

しかし、ここから、「**地獄の製作プロセス**」に入る。

まず、eProofing（電子校正）システムを使って校正しようとしたが、
私の使っている OS（あるいはブラウザ）のバージョンが古いせいか、
うまくいかなかった様である。(2016/06/05)

そこで、校正用のPDFファイルを使って校正することとなった。(2016/06/08 開始)
そして、数ラウンドのやり取りをして、一旦は、2016/07/07 に終了した。

[
この校正プロセスは結構消耗し、体調が更に悪化した。
]

ここまででも、論文の accept から1ヶ月半が経っており、BMC Bioinformatics の平均と較べると
いささか遅いプロセスである。

しかしながら、その数日後、当時の編集長から、
「（その気になれば）（論文中の）数式をもっと体裁よくできるが、本当にこのまま雑誌掲載していいのか？」
と言う質問が来た。(2016/07/09)
これに対し、私は
「数式は論理さえ通っていれば、そんなに美しくなくても構わない。このまま雑誌掲載してくれ。」
と答えた。(2016/07/10)

ここから10日間程音沙汰がなかったので、2016/07/21 に、問い合わせてみると、
1週間後、編集長から
「私は数式が美しいのがどうしても気に入らないから、勝手に直している」
と返事があった。(2016/07/28)
、、、 「そんなこと、せんでいい」 って言っただろうが！お前は、顧客の意思を無視しているんだぞ！！
[
今思えば、ここで強い調子で抗議しておくべきだったのかもしれないが、私は怒りをこらえて暫く待つことにした。
]

[
ちなみに、この2016/07/28のメールで、編集長は
「論文を **目玉論文 (featured article)** にしたい」という餌を付けて来たと共に、
もう一つの投稿論文（アルゴリズムとシミュレーション「実験」）も accept したと知らせて来た。
きっと私の怒り（注意）を逸らそうと目論んでいたことだろう。
、、、残念ながら、私はそんなことには騙されない。
]

その後、私は2、3日に一回くらいのペースで督促状や「最後通牒」等を出して

早い雑誌掲載を促したのだが、
彼（女）らはあれやこれやと理由をつけて雑誌掲載を遅らし、
そればかりか、「式を綺麗にする」とか称しながら、いくつかの式を間違っただけに変更してしたりした。
私はしびれを切らし、
BMC の経営チームにこの極端に遅い製作プロセスをどうにかする様に要請するメールを書いたが、
経営チームの連絡先がわからなかったので、顧客サービスチームにそのメールを転送してくれるようにという依頼のメールを送った。(2016/08/24)

[
これは、ホテルのフロントの対応が気に入らない時にマネジャー（経営者）を呼ぶようなものである。
が、残念ながら、経営チームにはメールが届かなかった様である。
]

2016/08/28 からは、担当編集者の上司に直接問い合わせたが、
今度は（要約すると）「品質管理エラーが生じて品質保証チームに問題を送った。
彼らはただ XML ファイルを編集部に送り返して来たがまだXML エラーがあって下請けに直してもらっている。」
とか、一見もっともらしそうだが、同時に胡散臭そうな理由を説明して来た。

[
どうせ、本当は、故意にXML に何らかのエラーを植え付けて、エラーが出る様にでもしたんだろう。
]
「証拠」と称して（手でも作成出来そうな）簡単なスレッドを見せられたが、
品質保証チームの連絡先が空欄になっていたため、それが実在するかどうかともわからなかった。
更につきつめて話を聞くと、私の式番号の付け方（{節番号}.{節ごとの式番号}）がエラーを生じているらしい。

[
なんだかそれっぽいが、それだけで一ヶ月以上も「足踏み」しているというのは信じられない；
もしそれが本当だとしたら、この出版社（+下請け）は「無能の集まり」と言うことになる。
やはり故意に遅らせている（あるいは放置している）と考えるのが最も自然である。
]

いずれにせよ、彼（女）らがファイルをいじっている間に、式番号の参照が間違えている可能性も出て来た為、
最終バージョンが掲載される前に私自身でチェックさせてもらえる様に頼んだ。(2016/08/31)
そして、効率良いエラーの修正の仕方について助言させていただいた。(2016/09/02)

2016/09/03、編集部から校正用 PDF が送られて来たので、修正を入れて返した。(2016/09/05)

2016/09/08、再度、編集部から校正用 PDF が送られて来たので、修正を入れて返した；
まだ式番号の扱いに問題がある様だったので、返信メール中で解決策を示唆した。(2016/09/08)

2016/09/16、編集部から最後の校正用 PDF が送られて来たので、修正を入れて返した；
まだ式番号の扱いに問題がある様だったので、返信メール中で解決策を提案した。(2016/09/16)

2016/09/17、とうとう編集部から論文が掲載されたとの知らせが来た。
(2016/05/23 に) 論文が accept されてから四ヶ月近く経っていた。（通常は1、2週間で掲載される）

振り返ると、8月までとは違い、9月に入ってから割とテンポよく製作プロセスが進んだ。
よくわからないが、恐らく「何者か」が8月いっぱいまで製作プロセスを差し押さえるよう要請（指示）していたのではなかろうか。

[
一つ考えられるのは、その「何者か」自らの論文の提出／accept／掲載のどれかのプロセスが終わるまで、ということだ。
]

2016/09/19、オンラインバージョンに多数のエラー、PDFバージョン に一つエラーを見つけたので、編集部に伝えた。
これが後の、異常に時間のかかる Erratum（正誤表）の掲載&修正プロセスへとつながることとなる。（後述）

[
ちなみに、編集長が私の注意を逸らす為の「餌」として使った（と私は思っている）、
この論文を「**目玉論文 (featured article)**」にする件については、
私は 2020/09/20 & 21 に、編集長、編集部、そして BMC 顧客サービスチーム全体に、
この件を思い出させる様なメール（実際には相当長い）を送り、「あなた達の『誠意』を試す」と付け加えた。
翌 2020/09/22、編集長から「目玉論文」にした、と連絡があったので、見てみると、
なんだか訳の分からない抽象的な挿絵が使われており、
これで本気で読者の興味を喚起するつもりなのか、いささか疑問であった。
本音を言うと、私はこの論文を「目玉」にする願望はそれほどなかった。

BMC Bioinformatics の扱う話題の幅広さから考えると、本当にこの論文が「目玉」にふさわしいかどうか、私は疑念を抱いていた。

ただ、論文の製作プロセスが著しく遅れる中で、編集長のみならず編集部の他のメンバーも度々、「この論文はこの雑誌にとって今年一番だ」とか、ウソくさいことを言っているのに非常に腹立たしく思っていたのだ。、、、本当にそう思っているならば、論文（と私）にこんな「酷い仕打ち」をするわけがなかるう！！だから、「そこまで言うんだったら、自分らの言葉に「責任」を取ってもらおうか」と言うつもりで、上記のメールを出したのである。、、、あくまでも、「目には目を、歯には歯を」の原理で、彼（女）らを精神的に追い込むのが目的だった。

だから、まさか、（曲がりながらも）本当に「目玉論文」にするとは思っても見なかったのだ。少し、読者に対しては後ろめたい気持ちもしたが、すべては、編集長をはじめ編集部の発した言葉（の数々）から始まっているのだから、**これによる「責め」は、私ではなく、彼（女）らに負ってもらうのが適当であろう。**

]

さて、もう一つの論文、つまり、**アルゴリズムやシミュレーション「実験」を扱った部分**（後の Ezawa 2016c）は、数学的理論部分の投稿を終えた後の（2016/03/07）くらいから準備を始め、（2016/03/31）に書き終えて、やはり BMC Bioinformatics に投稿した。

投稿の際の cover letter で、数学理論部分の時に送った「推薦状」の一部はこの論文にも適用されることを述べておいた。

それから二ヶ月以上経った、2016/06/06、編集部の決定が来た。

[

これも通常に較べると非常に遅いのだが、もう一本の論文の処理もあって私自身手が回らない状態で、気にする間がなかった。

]

小幅な改定をすれば accept できる、とのことだった。

[

査読者 1 は、論文を有用で数学的に高レベルだと評し、掲載を薦めた。

査読者 2 は、論文がこの分野で非常に有用で啓発的だと評してくれたが、もっと読みやすくする為に（数式や概念の簡単な説明および言葉使いの変更などの）小幅な改定を要請した。

]

2016/06/08、編集部に査読者のコメントの幾つかが正確に意味するところを確認する様に頼んだが、その後、これについての返事はなかった。

その後、論文の改定を始め、書き終えて再提出したのは 2016/06/20 だった。

[

この時、成り行き上、査読者 2 の誤解をしていると思われる箇所をよく説明する為に、査読者 2 には少し耳の痛い様な返事をせざるを得なかった。

（でも、**研究者にとって、「正確を期す」のは最も大切な事である。**）

]

それから 3 週間経っても音沙汰がなかったので、早く決定してくれる様に催促すると共に幾つかの小さな追加変更の案を提示した。（2016/07/14）

それから更に 10 日間経っても音沙汰がなかったので、どうなっているか問い合わせた。（2016/07/26）この際、

「この論文をもう一つの論文と共に、「闇に葬り去る」つもりじゃないだろうな？」

と（ちょっと脅しをかけて）問いただし、その場合は納得できる率直な説明をする様に要請した。

また、論文再提出の際に査読者 2 には少し耳の痛い様な返事をしたことが少し心に引っかかっていたので、査読者 2 のコメントに基づき、更に（特に一般読者に）読みやすくなる様に、更なる変更案を示し、最後に査読者 2 には本当に感謝している旨を伝えた。

[

大学教授など、（生涯）研究者（彼（女）らは自分らが「神々」だと思っている）はプライドが高いから、時には（社交辞令などを適切に用いて）ヨイショするのも大事である。

]

どちらが（あるいは両方が）功を奏したのか分からないが、その後すぐに**編集者の決定（accept）**が来た。(2016/07/29)
相変わらず「技術的なエラー」が云々と言いつつしていた。
が、私が思うに、こんなタイミングで来るのは、まず間違いなく、差し止めていたからに違いない。
[
編集者の一存か、査読者2の要請か、他の「何者か」の要請か、は分からないが、、、。
]

そこで、提示していた変更案も組み入れて論文を再改定し、再々提出した。(2016/08/01)

最終決定（accept）は比較的すぐに来た。(2016/08/05)

論文処理料金（article processing charge）は1週間後に支払った。(2016/08/12)
同じ日に、最初の校正を電子校正（eProofing）システムで行なった。

だが、ここから、この製作プロセスも遅々としてなかなか進まなかった
（大体、2週間に一回くらいのペースで新たな校正用 PDF が送られて来た、
、、、しかも新たな間違いを加えて、、、その度に私は修正した）。
最終的に私が OK を出したのは、2016/09/23 だった。

そして、**ようやく、雑誌掲載されたのは、最終決定から約二ヶ月後のことだった。**(2016/09/28)

九工大の宿舎から秩父の実家への引っ越しの準備をしながら、
雑誌掲載論文のチェックが終わったのは（2016/09/30）で、
PDFバージョンには間違いは見つからず、オンラインバージョンに小さな間違いが2つ見つかった。

これら間違いは、文脈から、読者達が自分で発見できそうである。
これを直そうとすると、また、余計に厄介なことになりそうなので、無理に修正を要請せず、
編集部裁量に任せることとした。

2016/09/30、約3年半お世話になった**九工大飯塚キャンパスを後にし、**
新飯塚駅近くの居酒屋で**受け入れ教官（九工大）と「最後の盃」**を交わした。
その夜は博多駅近くのビジネスホテルに泊まり、
翌2016/10/01、故郷の秩父へ向かって新幹線で旅立つのであった。
（注：新幹線は秩父には止まらない。）

九工大での3年半を振り返って見ると、
最初の一年ほどは受け入れ教官の科研費研究の手伝い中心で、
2014年9月からの2年間ほどは、ほとんど論文の作成、改定、
不自然な査読プロセスや製作プロセスへの対処（問い合わせや苦情など）
に追われてしまい、
そもそも九工大でやりたかった、**新しい統計的 MSA プログラム、**
ANEX (alignment neighborhood explorer) の開発には、
すべてかき集めてもせいぜい1年間くらいしか費やせなかった。
本当は九工大で「すべて終わり」にして、「本当の意味で」引退しかっただが、
大変無念であった。

私はもうこれ以上どこかの研究室（研究者）にお世話になることはやめ、
残りは（自分の貯金が尽きぬ限り）秩父の実家で「仕上げる」こととした。

[
そして、
（1）ANEX の開発、およびその論文執筆および「公表」が終わったら、
あるいは
（2）その前に自分の貯金（生活を切り詰めればあと3～4年は保つ予定だった）が尽きたら、
あるいは
（3）ANEX が原理的あるいは現実的に（もしくは私自身の能力的に）不可能だと判明したら（あるいは「悟った」ら）、
その際には**文字通り、「人生を終える」**つもりだった。

つまり、**文字通り、「残りの人生と引き換えに」して、**
ANEX 仕上げる為の（3～4年程の）時間を確保したのである。

（過去の経験および自分の現状から）私にはもうこうするしか、研究時間の確保は無理だと判断した。）
だから、
（退職後の）飯塚キャンパスからの道のりは、
片道分の燃料しか積んでいない「特攻隊」の心持ちで臨んだ。
従って、私はこれを（本物の）神のご加護も期待して）

「ミッション、『神風』」

と密かに（自分だけで）呼んでいる。
]

これからは、1分1秒を大切にしなければならない、、、。
これから落ちていく砂時計の砂の一粒一粒は、
私の「（あと3～4年程の）残った人生の「かけら」」なのだ、、、。

[2016/10 — 2020/06: 秩父での統計的 MSA プログラム (ANEX) の開発]

まず、秩父の実家に帰って暫くは、
疲労した体を休めながら、
私の居室の整理、引越し荷物の開梱等を行った。

[
この時、私は、「画龍点睛」と書いた画用紙（ポスター）を部屋の中に掲示した。

上記の様に、私は2016年に（理論構築と予備解析に関する）3本の論文を雑誌掲載し、
九工大でやる予定だった MSA のプロジェクトの「前半」を（実質的に）終えた。
しかし、これらは、いわば、絵に描いた「眼を入れてない龍」である。
統計的 MSA プログラム、ANEX (alignment neighborhood explorer)
が完成して始めて、この龍に「眼を入れる」ことができ、
この分野の正しい発展への「地殻変動」が本格的に始まるのだ！！
このポスターには、そういう思いが込められていた。

]

その後、体調不良（特に頭痛や記憶力減退等）の原因を探るべく、
（MRIや認知症テストも含め）色々な医療的検査を受けたりしたが、目立った異常は見つからず、
とりあえず、直ちに命に別状はなさそうだ、と言う事になった。

[
今思えば、この結果が、私の油断を引き起こすことになった。

]

[
ちなみに、記憶力減退は過労と睡眠不足から来ていた様で、
実家で数ヶ月間、十分な睡眠を取るうちに記憶力も
（全盛期には遠く及ばないものの、ある程度は）戻って来た。

]

この時期に、2つの「（イベントへの）お誘い」があった。
一つは、遺伝研時代の受け入れ教官の還暦お祝い（2017/01/14 開催）、
もう一つは、名古屋大時代の指導教官の喜寿お祝い（2017/04/22 開催）である。

内心は、
「こちらがあと3～4年しかない人生をムダなく必死に生きようとしている時に、いい気なもんだ」
と思っはいたが、
どちらも非常にお世話になった、いわば「恩師」であるので、
無下に扱うわけにもいかず、仕方なく参加することとした。

[

まだ九州にいたら、「遠い」「体調が悪い」等の理由で断ることもできたが、
タイミング悪く秩父に帰ってたので、断りにくいというのもあった。
もし、医療的検査であからさまに異常が見つかれば、それも断る口実にできたが、
悪い事に丁度この頃はまだ「持病」（後述）が発覚&悪化してなかったので、
「健康上の理由」だけを口実にするのは難しかった。

]

どちらのイベントも、先ず OB(&OG) 中心での研究会をやり、その後パーティをやる、と言う段取りだった。
他の参加メンバーは旅費（研究費＋宿泊費）は「研究会参加」の名目で、
自らもしくは研究機関の補助から捻出することができるのかもしれないが、
私はもう「引退」してしまったので、すべて自己負担である。（まあ、どうでもいいが、、、）

どちらにおいても、

私が（すぐではないが数年後には）死のうとしている意志は隠して（無理に）できるだけ明るく振る舞った。
また、私が「引退」したのはあくまでも健康上の理由であり、研究上の不振の為ではないことを知らせる為、
私が最近（2016年）に雑誌掲載した論文3本のことを教えてやった。

[

これはいわば、「研究者としての意地」である。

]

今思うと、この2つが参加者（特にOB.OGの）反感を買ってしまった可能性が高い。

[

今思えば、こんな事になるのであれば、どちらのイベントも、
無理やり口実をでっち上げてでも欠席（完全不参加）すべきであった。
、、、私には、もうあと僅かな時間しか残されてなかったのだから、、、。

]

受け入れ教官（遺伝研）還暦祝いの準備の際、どうも私は「蚊帳の外」に置かれていた。

、、、「だったら、いちいち誘うな！」とも思ったが、グッとこらえた。

[

今思うと、私を誘った「真の狙い」は、私を研究会で発表させて、私の研究をコキ降ろすことだったのかも知れない。
（確かに私は話し下手なので、そうされ易い。）しかしながら、私は健康上の不安があったので、発表は遠慮させて頂いた。

]

しかしながら、研究会での各OB&OGの発表は興味深く、久しぶりに脳の活性化になった。

ただし、一人のOGの発表の際には、なぜか堪え難い睡魔が襲ってきて、

気を失う様に居眠りしてしまい、申し訳ない思いをした。

（それ以外では大丈夫だった。）

その時は、直前に飲んだ日本酒のせいかと思ったが、今になって思うと、私の「持病」の発作だった可能性もある。

それぞれの発表に対し、質問したいことも幾つかあったが、

パーティまでの時間が足りなくなってしまう可能性があったので、

その場での質問は差し控え、後でメールで質問した。

[

この時に同時に私の研究についても知らせたが、メインは質問（あるいはお詫び）であった。

]

しかしながら、皆、1回目は答えてくれたが、更に質問を重ねると、返事をくれなくなった。

、、、どうやら「神々」になった彼（女）らは「虫ケラ」の私のメールなど、無視しても良いと思っている様である。

[注：

「神々」と言う時、私は彼（女）らを崇拝している訳でもないし、「虫ケラ」と言う時、私は自分を卑下している訳でもない。
これらを使う時、私は彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている者たち）の「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！

]

[

ちなみに、約一ヶ月後、受け入れ教官（遺伝研）の前任者の集団遺伝学&分子進化学の大家の一番弟子の受章お祝いの際に
再会した時には、（一人を除いて）皆、私への扱いが更に冷たかった。

あの受賞お祝いに参加した価値はあった；

参加しなければ、彼（女）らの私への思いを肌で感じる事が出来なかったからだ。

もう、受け入れ研究室（遺伝研）の（元）メンバーと笑顔で語り合う事は二度とないだろう、と悟った。

]

一方、指導教官（名大）の喜寿祝いの準備の際には、私も積極的に関わった。

むしろ、他のメンバーは普段の業務で忙しいだろうと思って、できるだけ、作業をすることを買って出た。

（ただし、無理しない範囲で。）

ある時、中心メンバーの一人、K博士、から、名大時の後輩の一人と連絡を取る様に頼まれたが、

何故かEメールアドレスではなく、Facebook アカウントしか教えてくれなかった。

そこで、私も Facebook アカウントを作らざるを得なくなった。（これに関しては後述）

[

結局、最終的には、Eメールアドレスを教えてくれた。、、、、だったら、初めからそうしろよ！

今になって思うに、K博士は、Facebook を通じて私を「監視」しようとしていたのではないかと、思ったりもする。
（それが、彼の一存でしたことか、恩師の要請でしたことか、は私には分からない。）

】
こちらの内容も興味深かったが、ほとんどの話題が十数年ぶりだったので、細かいところまでは理解できなかった。
こちらは各発表の時間管理がうまくいかず、時間が大幅にオーバーしてしまった。
指導教官（名大）心臓に持病を抱えており、研究会で頑張り過ぎたのか、パーティの前に椅子を連ねて休まれている姿が痛々しかった。

【
こちらはこちらで、私の「正義感」が突っ走ってしまい、
準備に携わったメンバー達に不快な思いをさせてしまったかも知れない。
だとしたら申し訳ないことをしたと、ここに改めてお詫びする。
】

【
さて、Facebook アカウントのその後だが、
私はただでさえも情報処理が遅い上に、体調も悪かったので、
（重要な2、3人を除き）自分から「お友達」申し込みはせず、
また、「お友達」を申し込まれた際も、以前からの直接の知り合い以外は、受け入れなかった。
（大変申し訳なかった。「高ビー」かと思われてしまったかも知れないが、私の事情も察してほしい。）
それで、「お友達」の数を20人前後に抑えていたが、それでもフォローするのが大変だった。
また、（恐らくは）私のある投稿をきっかけに、ほとんど無視されるようになったため、
（そもそもアカウントを作成した目的である）前述の（名大時の）後輩との連絡の役目を終えた後、
もうFacebook アカウントは使用しなくなった。
どうやら、**（情報処理が遅く、コミュニケーション能力に欠ける）私には SNS は向いてない様である。**
】

さて、**ANEX (alignment neighborhood explorer) の開発**は、
上述のお祝いや医療検査に加えて、
これから話す、九工大時代から持ち越された純粋理論部分の論文の **Erratum (正誤表)** 関係の出来事により、
なかなか本格的に始められなかった。（、、、時間はあと僅かしが残ってないのに、、。）

さて、**Erratum** の製作プロセスに関しては、
私は、こちら側で草稿を書いて製作に回すと、再び理論構築の論文の時の様に様々な問題が生じて
雑誌掲載が滞る可能性があると思ったので、草稿の作成は編集部の製作担当上司に任せた。

そして、まず、10月上旬に BMC Bioinformatics 編集部の製作担当上司が校正用 PDF を送ってきたので
それを読んで幾つかの誤りを見つけ、修正案を送った。(2019/10/13)
その後、2、3回、（編集部から）新たなバージョンの校正用PDFの送付 > （私の）誤りの指摘
を繰り返し、
私が最終的に雑誌掲載を承認したのは 2019/11/07 だった。
（この時、オンラインバージョンに間違いがない様に注意する様、要請した。）

そして、Erratum が雑誌掲載されたのは、2019/11/11 だった。

これで「一件落着」と思われたが、そうではなかった。
なんと、（PDF はほぼ無傷だったが）オンラインバージョンに幾つかの誤りが見つかったのだ！！

【
どうもオンラインバージョン担当者の中に（故意にか不注意でかは分からないが）誤りを続けている人物が
いる様である。
】

ここで、「Erratum の Erratum」を掲載すると、もはや訳のわからない、收拾のつかない状況になる。
それに、今まで間違いはほぼすべてオンラインバージョン中で起こっている。
つまり、いくら我々が校正用 PDF を用いて、原稿を「完璧に」仕上げたとしても、
私（あるいは編集部）の手の届かないところで、再び誤りが起こり兼ねない、と言うことだ。

そこで、私は、編集部に、オンラインバージョンのみに絞って修正できないか、
（そしてできれば、一時、オンラインバージョンを撤回もしくは一時停止できないか、）
打診（提案）してみた。(2019/11/11)

それから編集部とのやりとりを1往復半したあと、
オンラインバージョンが**修正**されているのを確認した。(2019/11/23)
今度は誤りはきちんと修正されていた。
しかしながら、何故か、修正の履歴の記録がどこにも見当たらなかった。
これだと、修正前に訪れた人々が、(その際にあった) Erratum の誤りにいつまでも気付かない可能性が高い。
そこで、**履歴の記録をきちんと残すように要請した**。

[
このあと、編集部からの反応は(返信メールも実際のウェブサイトの変更も)暫くなかった。
]

この事態を更にややこしくしたのが、**「目玉動画」の作成**である。
これは10月の前半に、BMC Bioinformatics 編集長から申し出があり(費用は BMC 側がすべて負担してくれるらしい)、
2016/10/15 に動画作成会社から始めのメールがあった。
本当は、(まだ体調回復途上にあった)私はこういう消耗する様な事はあまりしたくはなかったのであるが、
編集長との関係をこれ以上陰悪にしたくなかった(断ったらまた何をされるかわかったもんじゃない)ので、
この申し出を受け入れることとした。

[
この時、プレゼンテーション資料があるか聞かれたが、この頃はまだ作成してなかったのでその旨を伝えた。
]

2016/10/28 に、動画作成会社から動画の素となる台本 (script) が送られてきたので、
読んで幾らか修正して返した。(2016/10/31)

[
今思うと、これが、この研究に関する最初(で最後?)の動画になったことを考えると、
このステップをもっと慎重に時間をかけてやるべきだったと**後悔**している。
(「台本は一旦「確定」してしまうと、修正は出来ない、」と制作会社から忠告されていた。)
まず、台本(およびタイトル)が、この研究の範囲を少し絞りすぎていたことを修正した方がよかった。
もう一つは、反復配列の進化に関する(いまいち分かりにくい)一文があったのだが、
私は彼らの意図と違う風に解釈してしまった。
(後で、動画を見て初めて、この一文が、この研究の(偏った)イメージ形成に大きな役割を演じる事を知る。)
今思うと、「この一文が厳密にはどういう意味なのか?」を尋ねるべきだった。
大きな**反省点**である。
]

(間がかなり空いたのが怪しいが、、、)
2016/11/29、動画の最初のバージョンが送られて来た。
抽象的な画像が多く、科学的具体性に欠け、モヤモヤする内容だったので、
受け入れ教官(九工大)に見せて意見を求めると
「こんなもんだよ。私たちもプロジェクトの動画制作を頼んだことがあったが、もっと酷かった。」
等と言っていたが、私は納得いかず、幾つかの画像の修正案を動画会社に提示した。(2016/12/01)
[
この時、上記の反復配列に関する問題に気づいたが、「事実関係の過誤 (factual error)」とまでは言えないので、
(一文の)変更/削除はあきらめた。
]

それから(制作会社による)動画の改定と(私による)そのチェックとさらなる改定案の提示が
2ラウンド程進んで、動画もだいたい固まりつつあった時、私は一つ**重大な問題**に気づいた。
動画のナレーション(あるいは台本)の中に、
あたかも我々が(挿入/欠失の)進化モデルを「ゼロから(from scratch)」作り上げた
様に語る一文があったのだ!!

[
それまで、私は「モデル」を論文で提示している「理論的形式」の事と解釈していたので問題ないと思っていた。
が、もしそれが文字通り「モデル」を指すとなると、
我々のモデルは Mikl\{o}s, Lunter, Holmes (2004. Mol Biol Evol. 21:529-540) のモデルの拡張なので、
「事実関係の過誤」となる。
]

そこで、私は最後の要請として、この「ゼロから (from scratch)」をナレーション(台本)から取り除く様をお願いした。
(2016/12/12)

そして、動画の最終バージョンの知らせがあり、私はそれをチェックして承認した。（2016/12/20）

動画は BMC Bioinformatics によって、

BMC の YouTube のサイトおよび、BMC Bioinformatics のウェブサイトに掲示された。（2016/12/22）

YouTube の動画再生回数は伸び悩んでいるが、BMC Bioinformatics のサイトでのインパクトはかなりあったらしく、その後、論文へのアクセス数はそれまでの2～3倍くらいに増加した。

[

ただし、動画の内容から当然抱かれる期待と、実際の論文の内容との（見かけの）「乖離」に読者がどれだけ失望したかは不明である。

（実際には「乖離」はなく、動画の内容は論文の内容の「ごく一部」に過ぎないのだが、、、。）

やはり、この論文に関する「最初（で最後？）の動画」なのだから、もっと内容をそろえるべきであった。

]

そんな訳で、これら新たにアクセスした読者のうち、どれだけが論文がターゲットとしていた読者なのかは不明である。だから、編集長や制作会社に素直に感謝すべきなのかどうかも分からない。

（一応、社交辞令としては何度も謝意を示してはいるが、、、。）

この動画における「焦点のズレ」が、彼（女）らの善意の結果なのか、

それとも（異常な査読&制作プロセス同様）意図的になされたものなのか？も気にかかる。

今になって考えると、やはり、この動画作成の申し出もきっぱりと断っておいた方が良かったのかも知れない。

[

ただ、この時点では、私もいつ体調が崩れて ANEX 開発が「強制終了」に追い込まれるか分からなかったので、「持てる駒」のできる限り「爪痕」を残しておきたかった、と言うのが当時の偽らざる気持ちであった。

]

ちなみに、この後、例の編集長は新しい編集長と交替した。

（私の論文の一連の問題と関係があったのかは定かではない。）

さて、**Erratum** の修正履歴の記録に関する問題に戻ると、

私の要請から約一ヶ月半ほどの間、何の返事もなかったので、

年が明けてから、私はどうなっているのか問い合わせた。（2017/01/11）

翌日、編集部の製作担当上司から返事があって、

それ以来、crossmark のロゴを修正して（クリックすると）正しい情報を表示する様にした、

そして、Erratum に、それが最初に掲載されてから修正されたことを示す注意書きを入れて、再掲載するように

品質保証チームにまだ懇願している最中だ、

と進捗報告があった。

2017/01/31、編集部の製作担当上司から、Erratum の修正版の校正用PDF が送られて来た。

今度は確かに 2016/11/18 に修正して再掲載した旨が記述されていたが、

謝辞の後にチョロツと書かれているだけだった。

これだけだと、**本当にこの修正について知らせる必要のある人々、**

つまり、修正する以前にオンラインバージョンにアクセスした人々、

に伝わりそうにない。

そこで、どうかして彼らにもっと確実に伝わる様にできないか？

例えば、元の論文からErratum へのリンクのところに（2016/11/18に修正された旨を伝える）注釈を加える、

および／もしくは、単に（雑誌のトップページ、もしくはSNS等で）アナウンスする、

等できないか？尋ねた。（2016/02/05）

が、先方の態度は硬かった。

（また存在するかどうかかわからない品質保証チームを頻繁に引き合いに出していた。）（2016/02/08）

この後、暫く私と編集部の製作担当上司との間の押し問答が2～3往復続いた。

[

彼／彼女は **COPE** まで引き合いに出して脅して来たが、私はそれを逆手に取って説得した。

]

この間、私は以下の**3点を要請**した：

- （1）雑誌のトップページおよびEメール警告等で、Erratum は2016/11/18 まで誤りを含んでいた旨を、読者達に警告もしくはアナウンスする；
- （2）元の論文からErratum へのリンクの為のバナーを、Erratum は2016/11/18 まで誤りを含んでいたことを警告する様に変更する；
- （3）PDF の本文と参考文献リストの間、および XML のタイトルと本文の間に、以下の様な注釈をつける：
「掲載：2016/11/10; 再掲載：2016/11/18；再々掲載：2017/02/17」（もちろん英語で）。

しかし、**編集部の製作担当上司の態度は頑なで、**

「品質保証チームが許さない」

「標準的なプロセスを外れるので扱えない」の一点（2点？）ばりだった。（2017/02/23）

[

しかし、私の感覚では、

向こうが勝手に間違えて（深刻な）問題を引き起こしたのだから、

標準的なプロセスを外れてでも償うのが筋というものである。

]

まあ、しかしながら、彼／彼女の権限では出来る範囲に限られるのであろう、と考えると同情の余地もある。

そこで、わたしは「**最後の手段**」に出ることとした：

BMC 経営チーム（のメンバー）に直接訴えたのだ！！（2017/02/23）

[注：

正確にいうと、「最後から2番目の手段」である；真の「最後の手段」は訴訟を起こすことなので、、、。

]

そして、編集部の製作担当上司には、これまでの苦勞をねぎらって、「一時お別れ」した。（2017/02/24）

BMC 経営チーム の誰にコンタクトを取るか？については、色々検討した結果、

Associate Publishing Director（準出版部長？）が、出版倫理の専門家でもある様なので、

その「良心」に訴えかけることが出来て良さそうだった。

問題は、これらの人々の連絡先は（一部SNSアカウント以外は）基本的に乗っていないということである。

そこで、彼／彼女の過去の出版物等も参考に、また、BMC の社員らのメールアドレスのパターンから

推測したメールアドレスに直訴のメールを送りつけた。（2017/02/23）

まず、こういうのは、自己紹介から始まるが、

ここで私は、自分が BMC Bioinformatics の「目玉論文」の著者であることも加えた。

[

使えるものは何でも使って自分を「重要人物」に見せるのが、西洋社会での鉄則である。

特に、彼（女）ら経営チームのメンバーは世界中を飛び回っていて忙しいだろうから、

どこの誰とも分からないチンピラは相手にしない筈である。

また、私は、一番下の連絡先のところに、（自分の学術履歴や論文リストを見ることができる）

ORCID, ResearchGate, LinkedIn の自分のページへのリンクを加えた。

]

そして、編集部の製作担当上司に上記3つの要請をしたが、

（彼／彼女の話によると）品質保証チームがそれを妨げている（らしい）こと。

本来、出版倫理を守る筈の品質保証チームが出版倫理を守るのを妨げていいのか？という疑問。

私の3つの要請は、この科学分野および BMC 自身の品位（誠実さ）を守るために不可欠であること。

そして、この状況を打開できるのは彼／彼女しかいないこと。

等を訴えた。

それから約2週間後、経営チームメンバーから返事があった。(2017/03/06)

内容は、残念ながら、

「古いバージョンのErratumを見た者にコンタクトを取ったり XML を変更するのは技術的にできないが、すでに論文を「目玉」にしたり動画を作成&公開したり (Holmes 博士に) 論評を依頼したりしているので、大きく注目されれば古いバージョンのErratumを見た者も戻ってくるだろう。」

という、以前、編集部の製作担当上司が言ったことがある説明の繰り返しに過ぎなかった。

(一度見たものが、何の警告／アナウンスもなしにErratumに戻って来る事などあり得ない。)

とは言うものの、少なくとも、彼／彼女にメールが届いていたことだけは分かった。

そこで私は、その返事で、(2017/03/08)

少なくとも、(1) はそのまま技術的に可能な筈であること、

そして、(3) を変更して、

編集部の製作担当上司が本文の一番下に付け加える様に申し出た、誤りとその修正の記録文、

を本文の一番上に(しかも太字、もしくはイタリックで) 付け加える

ことを要請し、

これも技術的に可能である筈だと訴えた。

(この過程で、(2) は撤回した。)

更に、私にとっては、読者にErratumの正しい情報を届ける方が、元の論文のアクセス数を促進するより大事だ！

と伝えた。

そして、彼(女)らが今やっているのは、読者が気づかないうちに出版物に手を加えて、

それを読者に気づかれない様に続けていることに他ならない、

これは出版倫理委員会 (COPE) の出版倫理の基本原則に反しないのか？

と訴えた。

[

更に、NCBI の PubMed Central が古いバージョンの Erratum を提供していることを見つけたので、彼(女)らに新しいバージョンに変える様に頼んで欲しい、と追加要求した。

(今思うと、これは余計だったかもしれない、、、自分でもやってやれない事はなかったの。)

]

しかし、私の要求を無視して、BMC は、

本文の一番下に誤りとその修正の記録文をつけた Erratum を掲載した。(2017/03/09)

(これにより、私はこの会社には「自己浄化能力」はないと結論した。)

しかし、さらに問題な事に、

何故か、そのオンラインバージョンには、以前と同様の誤りが含まれていた！！

[

「何故か」と言っただけのもの、こんなのは誰かが故意にやったとは思えない。

、、、どうせ私は気づかないだろうとでも思ったのであろう。

そうだとすると、私の再三の要請を断り続けたのも、

私の研究者としての信用を貶める狙いがあったのかも知れない。

(、、、あるいはそれも「誰か」の要請か？)

]

これは、ある意味、この Erratum の「史上最悪のバージョン」である。

「誤りを直した」と言っただけで誤りがそのまま含まれているのである！！

私は、即座に誤りを直す事；誤りと修正の記録を本文の一番上に持って来る事；

そして今回の事態を引き起こした張本人達をクビにすること、

等を要請した。(2017/03/09 (or 10))

今度はさすがに、経営チームメンバーも、(クビの要請を除き) 肯定的な返事をよこした。(2017/03/15)

そこで、即座に私は、今回彼(女)らが二度に渡って誤りを掲載してしまったことにより、

この科学的コミュニティに深刻なダメージを及ぼし得る、ことを指摘した。

そして、これら誤りの広がりを防ぎ、縮める為に、

改めて、（これまで別の機会に色々してきた要請を整理する目的で、）以下の要請をした：

- [0] これまであった誤り&修正の記録文に、更に今回発生した誤りのことも（日付入りで）付け加える。
そしてそれらを（本文の一番下から）本文の一番上に移す。
[1] 直ちに現在の（「史上最悪の」）バージョンの表示を中断する。
[2] BMC Bioinformatics のトップページに、
Erratum のこれら誤りのこと（そして誤りが除かれた新バージョンのこと）の告示を張り出す。
[3] NCBI PubMed や類似の論文検索サービスに、Erratum のこれら誤り（および誤りが除かれた新バージョン）
のことを知らせ、彼（女）らに注意書き（や警告）を掲示する様に求める。

その代わりに、私は（本当に技術的に無理そうな）元論文からErratum へのリンクのバナーの変更の
要請は撤回した。

また、「張本人達」をクビにする要請も撤回し、
代わりに科学的出版物の誤りが非常に有害になりうることを社員達に「再教育」する様、強く勧めた。

[
ちなみに、相手が到底受け入れられなさそうな要求を最初にしておいて、
後にそれを撤回する代わりに、もう少し軽い（しかし実は本当にやって欲しい）要求を飲ませるのは、
ビジネスの常套手段だそうである。
]

これに対しても、概ね肯定的な返事が来た（2017/03/16）ものの、
その後、動きが暫くなかったので、私は度々
（上記要請を実行することこそが会社の評判を高め、また、科学的コミュニティを守ると説得しながら）督促した。

すると、彼（女）らは「**悪魔の誘い**」を実行した：
（私が以前に要請（勧告）していた「**論評**」が準備できた、と（新しい編集長を通じて）知らせて来たのだ。

そこで、2017/03/27、私は、経営チームメンバーに、メールを出し、次の**追加要請**をした：

- [A1] 直ちに雑誌のホームページにある動画の掲載をやめる（あるいは誤りのないErratum がでるまで中断する）こと。
[A2] 「論評」の掲載を誤りのないErratum がでるまで延期すること。

そして、
私にとっては、Erratum の誤りの拡がりを食い止めて縮めることの方が元論文のアクセス促進よりも大事だ、
と繰り返した。

2017/04/04、ようやく編集部から校正用PDF および（今度は）XML（も）送られて来た。
今度は（少なくともPDFでは）**誤り&修正の記録文**が一番上に来ていて、
（PDF&XMLで）チェックできる限り数式などの誤りもなさそうだった。
しかし、記録文自体が誤解を生じ、最初のバージョンを見た読者が無視しそうな内容だったので、
（いくら詳細（つまり二度も間違えたこと）を記述するのが嫌だとしても）最低でも、
「最初のバージョンの掲載以来、XML には（PDFにない）誤りが含まれていた。
今、この再掲載されたバージョンにはその誤りはない。」
くらいにはする様に、書き直しを要請した。（2017/04/05）

[
本当は正確に記述すべきなのだが、そう主張しても彼（女）らは従いそうにはなかったから、
仕方なく「折衷案」を提示したのだ。
]

2017/04/07、**修正された校正用PDF およびXML**が送られて来た。
今度は前よりはまともそうだったので、**OK** を出した。

[
オンラインバージョンで何故か誤り&修正の記録文が本文の下に来ていたのは気に食わなかったが、
本文とは別の「注記」の欄だったので、しぶしぶ承認した。
]
同日、直ちに**修正版が掲載**された。
[
、、、これで、（彼（女）らが）やろうと思えばすぐ掲載できることが発覚した。
]

NCBI PubMed に関連エントリーの更新を頼んだが、出版社でないとできないと言われたので、

再び経営チームメンバーにその旨を伝えて依頼した。(2017/04/08)

[

、、、この件に関しても、BMC 側はなかなか動かなかったので、
私は **PubMed Commons** という (今はない) システムを用いて、
Erratum の誤りに関するコメントを残した。(2017/04/24)

]

こちらの要請どおりに修正された文を用いて、トップページでの告示もなされた。(2017/04/10)

あの、(誤りを含んだ) Erratum の最初のバージョンが掲載されてから、5ヶ月が経っていた。

つまり、(「中断」はあったものの) 5ヶ月もの間、誤りが出回り続けたこととなる。

[

どうも、この件には、**出版社側の「悪意」**を感じてならない。

本当は、その気になれば、1ヶ月以内に解決できたのではないか？

目的は恐らく、**私の研究者(科学者)としての信用を貶める**為だった気がする。

(そう考えると、わざわざ「目玉動画」を用意したのも、そのための「駒」の一つだったという事になる。)

、、、実際、これで恐らく、かなり信用は失墜した。

、、、本当は、私はただ純粋に誤りの拡がりを防ごうと必死に動いていたのであって、
(誤りの生成を含め) 責められるべきはすべて BMC の側にあるというのに、、、。

出版社が単独でそこまでやるとは考えにくいので、

恐らく「裏」に誰か(研究者)の関与(要請)があったのではなからうか？

(一つ考えられるのは私の元上司関係(のもっぱら「恨み」もしくは「やっかみ」)、

もう一つは「HMM学派」の「抵抗」といったところだろうか。

両方の可能性もある；普段はあまり仲良くない両者だが、「共通の敵」に遭遇すると、
「敵」同士でも結託するのはよくあることである。

しかし、私が何故そこまで嫌われなければならないのかがよく分からない；

私はただ、この学術分野を正しい方向に発展させようとしているだけなのに、、、。

]

身心ともに、とてつもなく消耗はしたものの、ようやく「火消し」が終わった！

と私は思った。

、、、しかし、既にこの時、彼(女)らは、水面下で「**次なる手立て**」を用意していたのであった。

私が新しい編集長から **かつてのJME査読者1の「論評(commentary)」**の査読を依頼されたのは、
2017年3月下旬だった。

私は依頼を受け入れて、草稿を読み始めて驚いた：

やたらと HMM の宣伝ばかりしていて、

(実際の配列データ解析では挿入／欠失の長さ分布はベキ乗法則に従うのに

HMMで普通使われるのは幾何分布である等の) 重要な事実を隠したり歪曲したりしておき、

あたかも私の研究が無用であるかの様な書きっぷりだった。

(以前の「推薦書」とはえらい違いである。)

私は、査読者の報告書(2017/03/31)で、主に、

(1) この研究に関連した重要な事実は、正確に、包み隠さずに、記述すること、

(2) (故意にそうしているのか) 文構造が複雑でわかりにくい文がいくつかあるので、

それらともしっかりと簡明に書き直すこと、

(3) (「真の(genuine)」配列進化シミュレーションに関する論文など) 幾つかの重要な論文を、

事実の「証拠」として引用すること、

等を要請した。

一方で、新編集長と経営チームメンバーに、

(もし彼が意図的に重要な事実を無視／歪曲したとしたら) これは出版倫理違反である可能性がある、と警告した。

(2017/04/03)

論評の**改訂版**ができたと報告があり、その**査読**を終えたのは 2017/04/13 であった。

本文中では、確かに私の要請した改定のほとんどが受け入れられていたが、

問題は、「**結論**」と言う、本文主要部に続く部分であった。

私の要請がほとんど無視され、「**事実関係の誤り(factual errors)**」がほぼそのまま残されていたのだ。

忙しい研究者などは、本文はほとんど目を通さず、(概要と)この「結論」だけに目を通す場合が多いだろう

と予想されるので、「結論」部にある「事実関係の誤り」は致命的になり得る。

そこで、(他のまだ残った「事実関係の誤り」とともに、)

この「結論」部の「事実関係の誤り」を正す様に、「小幅な改定」を要請した。

しかし、**私の要請は編集長に無視され、そのまま出版されることとなった。**

[
その後私は何度か編集長に抗議や説明のメールを送った（例：2017/05/02）
が、彼／彼女は聞く耳を持たなかった。
]

（「論評」が掲載されたのは、2015/05/12）

[
編集長は、
「この論評は、現時点でのこの分野における（研究者達の）コンセンサスを反映している」
とか何とか言っていた様な気がするが、
コンセンサスなら「事実」でないことも採用されて良いのであろうか？
、、、**彼（女）らのやっていることは、**
（かつて地動説を擁護した）ガリレオ＝ガリレイに対して行われた「宗教裁判」の様なものである！
、、、これによって、当時の天文学の正しい発展は、著しく妨げられた。
、、、そして今、分子生物学や相同配列解析の正しい発展が妨げられようとしている！！

（自然）科学においては、物事は、
（研究者間の）「多数決」や、（力の大小がものを言う）「政略（politics）」で決まるのではなく、
「もっとも科学的真実に近いもの」が 打ち勝つ（prevail）様でなければならない、

と私は強く信じている。

[
結局、これにより、**BMC の「真意」**が完全に明らかになった：
彼（女）らは、初めから、本気で私の研究のアクセス促進をする気は無かったのだ。
むしろ、（恐らく「誰か」の要請によって、）
私を論文関係の問題に「釘付け」し、
研究活動（具体的には ANEX の開発）を妨げるのが
「真の目的」だったのではないか？

そう考えると、あの、異常に遅かった査読プロセス&出版プロセス、
あの、あり得ない、Erratum の誤りとそれに対する彼（女）らの遅々とした対応、
などが、一本の線となって繋がってくるのである。
（ちなみに、「目玉動画」の制作&掲載も、Erratum の誤りと結びつけることにより、
私の評判&名声を貶めるための「ひと駒」と考えれば合点がいく。
それが失敗したから（実際にはかなり「成功」しているが、、、）、
「論評」をことさら私の研究に不利にする様に、Holmes 博士に要求したのかも知れない。

、、、**いずれにせよ、事実を歪曲してまで特定の研究を貶めようというのは、**
明らかに出版倫理に反している。
本当は出版倫理委員会（COPE）もしくは国際法廷あたりに提訴しようかとも思ったが、
そんなことをするとまず間違いなく ANEX の開発は頓挫する。
「ANEX が完成することこそが、私の研究の正しさを証明し、
更には、これら分野の正しい発展を加速する 1 番の近道である、」
と信じる私は、提訴は断念して ANEX の開発の 1 日も早い再開を図ろうとした。

[
ちなみに、かつての JME 査読者 1 は「論評」中で、
HMM に基づく配列開発ツールの豊富さをやたらと強調していたが、
結局、（特に標準的）HMM が「真の（genuine）配列進化モデル
と著しく異なる結果（とくに配列並びの確率など）を与えるのでは、
その（HMM に基づく）ツールの結果は大方、「間違った」ものになる筈だから、
本来、あまり威張れたものでは無い筈である。

（ある意味、彼（女）らは大衆を騙しているとすら言える。）
このような「正確さへの選択肢」がない状況を打開するため、
1 日も早い、「真の（genuine）」配列進化モデルに基づく
配列解析ツールの開発が望まれているのだ！！

]

[

BMC やかつてのJME査読者1がこの様に、私の論文の掲載&普及を妨害しにかかった背景として、私は暫くの間、私の論文（特に Ezawa 2016c）が、HMM学派にとっては「不都合な真実」を暴露している論文なので、彼（女）らができるだけ私や論文の評判を貶めたかった（あるいは論文自体の掲載を無効にしたかった）、というのが主な理由だと思ってきた。
しかし、最近は、どうもそれだけでは無い様な気がしている：
私の元受け入れ教官や元上司らの関与が（も）あったのでは無いか？
と考えると様々な「おかしい出来事」がうまく一つにまとまるような気がするのだ。

]

論評が掲載された頃には、
数学的理論部分を（2016/03/01に）BMC Bioinformatics に投稿してから、
はや1年2ヶ月が経っていた。
また、私が、「残りの人生と引き換えに」確保した研究時間のうち、
既に8ヶ月が（ANEX開発以外に）浪費されようとしていた。

かつてのJME査読者1の「論評」中の「事実関係の誤り」に関しては、
PubPeer と呼ばれる出版後査読（post-publication peer-review, PPPR）を専門に
掲示するサイトがあるので、
そこに「論評」中の「事実関係の誤り」を指摘し、修正するPPPRを掲示した。（2017/05/13）
[
この掲示は、かつてのJME査読者1にも知らせておいた。
「文句あるなら、正々堂々とかかってこい！」と言って（正確には書いて）。
]
[
また、PubMed Commons でも、このPPPRをアナウンスしておいた。
]

この際、受け入れ教官（九工大）から、
「『論評の論評』を書いてはどうか？」と勧められた。
しかし、新しい編集長や「論評」の他の査読者を含め、
ほとんどの人々は「敵方」についていることはもはや明らかなので、

「論評の論評」を投稿しても、無下に reject されるか、
また異常に長い査読&出版プロセスに突入するのは、
まず間違い無いだろう。

それに、私の理論を応用したツールはまだ圧倒的に少ないので、
「口（論理）だけで」何か言ったところで「水掛け論」になるのは必至で、
しかも、HMM 側は（正確な配列解析は原理的に無理だとは言え）
種々多様なツールが既に開発されているので
（特に（最近、この世界に増えてきた）口だけは達者な人々を相手にしては）
圧倒的に不利である。
そう考え、私は受け入れ教官（九工大）の勧めは断り、ANEXの開発を進めようとした。

[

この頃からである、
「実は、受け入れ教官（九工大）は、『敵方』なのではなからうか？」
と疑い始めたのは、、、。

]

**私は、（かつてのJME査読者1も含めた）「HMM陣営」との対決は、ANEXの完成までは避け、
それまではただひたすら耐え忍ぶ、「臥薪嘗胆」の道を選んだのだ！！**

[

この頃から、投稿論文の査読の要請がしばしばくる様になったが、
私は、自分の専門分野ドンビシャで、ほとんど参考文献を読む必要のない論文以外は
査読の要請を断った。
ここで、「安請合い」してしまうと、この後、恐らく怒涛の様に査読の要請が

舞い込んできて、自分の研究どころではなくなることを私は予期していたのだ。

、、、私が「残りの人生と引き換えに」確保した時間を、
そうやすやすと「本来の目的」以外のことに費やす訳にはいかなかった。

（私は、これら査読の要請のかなりの部分はきっと、
「誰か」が私に仕掛けた「妨害工作」の一種だろうと疑っている。）

]

しかしながら、

「これでようやく ANEX の開発を進められる」と思ったのもつかの間、

2017/06/12、受け入れ教官（九工大）から、

「、、、
“Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology”
（生物情報学および計算生物学百科事典）（出版：Elsevier）
の、“Genome Alignment”（ゲノム配列並べ）という記事を書いてくれと
昔からの友人から頼まれたので、あなた（江澤）を推薦した。

、、、
書いてくれないか？、、、」

という、かなり強引なメールが届いた。

（普通、推薦とかは本人の意向を確かめた後でするものではないのか？）

そのメールの終わりには

「、、、
江澤さんの理論の研究を紹介する場のひとつになればいいなと思っています。
また、ANEX をまとめるとき introduction の元ネタになるといいなと思っています。」

と書かれていた。

残念ながら、ANEX もその前の理論研究
（上記で記述した様に、2016年に3本の論文を発表した）
も、普通の（もっと短い）配列並べに関してであって、
ゲノム配列並べに関してではない（初期の動機はそうだったが、、、）。
ので、
おそらくその記事で私の理論研究を紹介しても場違いだろうし、
その記事の内容を ANEX の論文の introduction には使えないだろう。

そして、私の専門知識も、ゲノム配列並べに関してはほとんどない。

従って、この執筆に関わると、
（大量（100前後）の論文&総説を新たに読まなければならない為、）
ANEX の開発がまた大幅に遅れる
（つまり、せっかく「残りの人生を捨てて」確保した時間が、さらに削られてしまう）
リスクがあった。

だから、残された時間が僅かであることを考えると、本当は断りたかった。

しかしながら、
受け入れ教官（九工大）には九工大での大きな恩義を感じており、その一方でまだ何も「恩返し」できてなかった。
いちおう、ANEX の開発と論文執筆に少しでも関わってもらって、
共同開発者&共著者になってもらうつもりではいたが、
この当時はまだ、ANEX が本当に成功するかどうかは、私にも全くの未知数であった。
そう考えると、

ここで、この“Genome Alignment”の記事の共著者になってもらうことによって、
（そして、私が執筆のほとんど（8割前後）を担当することにより、）

**たとえ私が（大量の論文&総説を読むことによって）苦勞することになってでも、
多少なりとも「恩返し」をしておいた方が良いのではないかと？**

と考え、

受け入れ教官（九工大）との共著という条件で引き受けることにした。

[

ちなみに、前述の受け入れ教官（九工大）のメールにぶら下がっていた、彼からその友人への返事には：

「、、、江澤さんの研究は、地味ですが、、、」
と書かれていた。

、、、まあ、確かに、昨今の（土台がしっかりしているかどうかはあまり気にせず）外見の華やかさ、きらびやかさをやたらと追求する趨勢とは、一線を画すかも知れない。
なんせ、私の研究は、まさにその「土台」をしっかりと構築しよう、と言う取り組みなのだから。
（ちなみに、（故意にか、善意でかは分からないが）受け入れ教官（九工大）もどうも私の研究を勘違いして、卑近なものに貶めているような気がした。
（私の研究は、単なる多配列並び（MSA）スコアの開発研究（それは UH 時代の研究）ではなく、
できる限り正確な MSAs の確率分布を求めよう、
という取り組みである。）

]

その後、百科事典の編集部および編者からの正式な招待およびガイドラインが、
（めちゃくちゃ早く）2017/06/14 に送られてきた（宛先は受け入れ教官（九工大）、私には転送されて来た）。
そして、何度かやりとりして、
先方の期待しているところを聞き出たりして、下準備を少しずつ進めた。

また、受け入れ教官（九工大）との「役割分担」では、
彼に、"Illustrative Examples" (和訳：説明に役立つ例) の節、およびそこに入れる
実際のゲノム配列並びの図の作成を担当して頂き、
私がそれ以外全てを担当することになった。

本格的な準備は、7月に入って早々、総説&論文の検索から始めた。（2017/07/04）

それからしばらくは文献を（かなり丁寧に）読むのに費やした。
[
なにしろ「畑違い」なので、斜め読み等の速読は、誤解を生じるリスクがある。
（それにそもそも私は速読の技術は身に付けていない。）

]

（把握できただけでも）合計、
総説14本と論文約90本、それからちょっと似ているが違う話題
（次世代配列決定装置の出力配列断片のゲノム配列）に関する総説数本
を読む羽目となった。
（体調不良の私には、かなりの「重労働」であった。）

[

ちなみに私は、炊事洗濯掃除は自分でやっており、更に体調不良で無理は効かないため、
（他のすべての活動を極力抑えても）研究に割ける時間は1日にせいぜい3〜5時間程度である。

また、この時期は、新たに東京の某私学付属病院の**睡眠センターでの診療**が始まり、
更には、12月に開かれる日本分子進化学会&日本生化学会（？）合同大会（**ConBio 2017**）での
（口頭&ポスター）発表の概要の準備&作成&提出も行った。

]

そして、記事の草稿を書き始めたのは、2017/10/12、
（まだ所々に穴はあるものの、）第一稿を取り敢えず書き終えたのは、2017/10/30 だった。
そして、2017/11/30 に書き上がった第二稿 (ver 2.1) では、
"Closing Remarks"（和訳：結語）、お奨めの総説とウェブサイトのリスト、
および（受け入れ教官（九工大）の）"Illustrative Examples"、を除いてほぼ埋まった。

ここで一旦、受け入れ教官（九工大）にバトンが渡された。

[

この頃は私生活上で色々変化があった。
まず、睡眠センターでの詳細な検査の結果、私が**睡眠障害（重度のナルコレプシー）**であるらしいことが判明し、
その治療が始まった。（2017年10月）
しかしながら、どうも、処方された薬（モディオダール）が効かず、少し多めに服用すると**めまい**が起きたりして
具合が良くなかった。（同11月）
（特に、（電車も含め）乗り物に乗るとめまいがひどくなる様だった。）
（その結果、**ConBio 2017 の発表は取り止める**羽目になった。）
その後（12月）薬を ペモリン（ベタナミン） に変えると、（効き目は相変わらずないものの）

一時期はめまいは起きなくなったが、
暫くすると（2018年2～3月）また**めまい**が起きようになって来たので、
薬の量を減らして仮眠の回数・量を増やすことによって対応した。
しかしながら、やがて（2019年頃から）、
薬を飲まなくてもしばしばめまいが起きようになって、現在に至っている。

一方、2017/11/10 から、実家から4～5キロ程離れたアパートに引っ越して、再び一人暮らしすることとなった。
直接のきっかけは父との喧嘩だったと思う
（父としては、いつまでも就職しない私をもどかしく思っていたのかも知れないが、
私は ANEX 開発が終わるまでは就職しないつもりだった（し、そもそも体調不良で働けなかった））
が、もっと「深い」理由があった：
実家では、（日中勤務している兄は問題ないとして）父と私とで生活空間が衝突することがしばしばあり
（注：私はできるだけ避けるように常に努力している）、窮屈に感じていたので、
いっそのこと、実家を出てひとりでゆったり暮らした方が、病気療養にも良いだろうと思って
一人暮らしを再開したのである。
（この際、「照会先」の兄に来るはずの保証会社からの電話が暫く来なかった為、
「ひょっとしたら現在無職の私にアパートを貸すのをためらっているのか？」と思い、
（受け入れ教官（九工大）の連絡先も含め）**複数の照会先等を記した手紙**を用意し、不動産屋に渡そうと思っていた。
しかし、一応念のため、電話で保証会社に確認したら、兄の電話番号が間違っていて登録されていたことが判明し、
正しい番号を伝えて、**手紙は渡さずに問題は解決した。**）

また、この引越しの前後数ヶ月間は、何故かよく「ぎっくり腰」になった。
（ひどい時は1ヶ月に2～3回なった。）
どこか体に変な負担がかかっていたのかも知れない。
その頃は、大抵、畳（あるいは床上の座布団）の上に正座もしくはあぐらするのが普通だったが、
引っ越して暫く経って、椅子に座ってテーブルの上で作業するようにしてからは、
「ぎっくり腰」にならなくなった。
（身体がすっかり「西洋化」してしまったということだろうか、、、。）
]

その後暫く、受け入れ教官（九工大）が様々な業務で忙しいらしく、
執筆（というよりそれ以前の、ゲノム配列並びの実例の図の作成）が滞っているようだったので、
私でどうにか手伝いできないかと思って、
その図の作成に必要なソフト（というよりプログラムパッケージ）を（コンパイル&）インストールしようとしたが、
うまくインストールできなかった（というより、何とかインストールしたもの、目的のプログラムが動かなかった）
ので難儀したことがある。
ソフトのウェブサイトのFAQやフォーラムの記録を参考に色々やってみたが、やはりダメだった。

[
最善の方法は、開発者に直接尋ねてみることだが、
私はこの分野の各方面で**ブラックリスト**に載っていることを想定して、
開発者には連絡を取らなかった。
]
改めて、私は**バイオインフォマティクス（あるいは IT 関連）では三流以下であることを再認識した。**

[
思い返してみると、**過去にも**、（複数の第3者プログラムやライブラリに依存する様な）
大きなプログラムパッケージを（コンパイル&）インストールしようとして、ことごとく失敗していた。
例えば、NCBI Toolkit や Ensembl Perl API 等がある。
私には、これら大きなパッケージを自分のプラットフォーム（コンピュータ+OS）に適応させるだけの
コンピュータシステムの知識がないということである。
パッケージを入れるのを失敗した時は、仕方ないので、
必要な機能を模倣するプログラムを Perl で書いて対応したりしていた。
、、、これは非常に効率の悪いやり方だとわかっているけども、どうしようもなかった。
]

これにより、私は更に1ヶ月前後を無駄に過ごすことになったが、
その後、（2018年1月中旬）
ようやく受け入れ教官（九工大）が動き出し、ゲノム配列並びの図の最終版が出来上がったのは2018/02/09 だった。
それに対応して、私は、どの様なゲノム再編成でそれが可能になるか、解釈する図を作成した。
（2018/02/12、改定：03/17）

受け入れ教官（九工大）が "Illustrative Examples" に関する作図&執筆している間に、

私は、"Closing Remarks" と、お奨めの総説とウェブサイトのリスト を執筆した。（2018/02/08）

そして、1ヶ月余りが過ぎ、何度か加筆&修正した後、
（謝辞はまだ空だが）**記事が一応「完成」**したのは、2018/03/20 で、
その直後に編集部に提出された。

1回目の校正は、2018/05/08-16 の期間に行われた。
何故か"c" (小文字の "C") が "o" (小文字の "O") に置き換わっている等、
些細な誤植が大量にあったり、いらないうちに "-" (ハイフン) が入ってたりと、
どうもおかしな様子だったが、取り敢えず見つけた間違いはすべて直した。

[
提出時に、LaTeX ファイルを送りつけた筈なのに、
何故か PDF を見て、それを手書きで書き写している様な感じであった。
これでは、LaTeX ファイルを送った意味がない！
、、、ここでも何か（誰か）背後の「黒い影」の存在を感じた。
]

2回目の校正は、二度に分けて行い、まず、一度目は、2018/06/13-20 に行った。
この際、まず概要が欠けている（非常に怪しい！）のを指摘し、それから、
いくつか論文を引用すべきだったのにそれが欠けていた箇所（これらは我々の責任）を正した。
また、参考文献リストの欄で、幾つかの文献の出所へのリンクが間違っていたり欠けていたりしたのを正した。

[
この際、何故か私の過去の論文のリンクが概ね欠けていた！
、、、ここでも再び何か（誰か）背後の「黒い影」の存在を感じた。
]

そして、**二度目は**、2018/07/01 に行い、

私を共著者の列から外し、

また、**私の論文（共著を含む）をすべて参考文献リストから取り除いた。**

それに伴い、私の論文を引用していた箇所を除いたり、（なくても不整合がない様に）書き換えたりした。

[
私が共著者から外れた（すなわち、**「ゴースト著者」になった**）理由は、私を取り巻く「敵対勢力」の「攻撃」から、
受け入れ教官（九工大）（や Elsevier）を守る為である（、あくまでも、彼（女）らが「敵方」でないと仮定した上でだ
が、、、、）。

（また、自分への「攻撃」を避ける目的も若干あった。）

本来、これは出版倫理に反する、「あるまじき」行為であるが、
私にはこうするより他に手段が思いつかなかった。

]

2018/07/03 に、私が修正した校正用 PDF を受け入れ教官（九工大）に送り、
2018/07/04 には、編集部に正式に送る、**「authorship 撤回の要請」**の草案を書き、これも受け入れ教官（九工大）に送っ
た。

その後暫くこの件について受け入れ教官（九工大）と議論になったが、2018/07/09 に同意に至り、

2018/07/10 に、先ず、受け入れ教官（九工大）が編集部はこの件を打診し、

2018/07/11 に、私が正式に **「authorship 撤回の要請」（署名入り）を編集部に送った。**

しかし、その編集部からの返事（同日）に、

「私は既に（受け入れ教官（九工大）から）あなたの名前を共著者リストから除くように要請され、
既にタイプセッターにそれを実行する様に要請した。」

とあったのが、ちょっと引かった。

何故なら、出版倫理委員会（COPE）のガイドラインでは、（しばしば後で係争になる）authorship 撤回の際には、
すべての共著者の承認の署名を集めることが推奨されているからである。

そこで、先ず、受け入れ教官（九工大）に協力してもらい、
彼と編集部との間の時系列をチェックし、私の編集部とのやりとりの時系列と重ね合わせた。

すると、

私が **「authorship 撤回の要請」（署名入り）を編集部に送る前に、**

編集部は authorship 撤回を（手短にはあるが）承認していた

ことが判明した。

言い換えれば、**私が編集部に送った正式な（署名入りの）手紙はないがしろにされていたのだ！！**

あり得ないことではあるが、

契約書（あるいは、著作権移譲書類）に、
「通信著者 (corresponding author)（もしくは筆頭著者 (leading author)）が他の全ての著者を代表する」
旨を明記してあれば、それもアリかも知れない。
そこで、受け入れ教官（九工大）が記入&提出した**契約書**を見せてもらおうと、
著作権移譲の節では、「"You" が移譲する」となっているが、
明確に「すべての著者を代表して」の様な文言は見当たらなかった。
（ただ、英語では、"you" は単複同型なので、ちょっと曖昧さがあって、
「著者のうちの一人」とも「著者全員」とも解釈できそうなのだが、、、。
ふつう、契約書はもっと曖昧さが無い様に書かれているものである。）
むしろ、報酬に関する節を見る限りでは、
「この契約書は本来、共著者の一人一人が交わす様になっているのでは？」と疑念を感じた。

、、、どうも**不正 (foul play)** の匂いがした。

そこで、私は、まず（2018/07/20 & 22）、編集部に以下のことを尋ねた：

- 1、（締め切りが迫っていることへの懸念以外で）私が署名入りの「authorship 撤回の要請」を提出する前にですら、
何故、私のauthorship 撤回がそんなに容易に受け入れられたか；
- 2、何故、私には一度も著者の契約書（その目的の一つは著者から Elsevier へ著作権を移譲すること）
を受け入れる／拒否する機会が一度も与えられなかったか。

そして、彼（女）らの説明を支持する文書（のコピーもしくはリンク）を提供する様に頼んだ。

【注：一般的に、口ではなんとでも言えるので、私は具体的な「証拠」がない限り、他人の言うことは信じない。】

2018/07/23、編集部からの返答は、以下の様なものであった：

「、、、
この（百科事典の）プロジェクトは EPS (Editorial Production System (和訳：編集制作システム)) を用いて開発されており、
一人の筆頭著者だけを（システムに）受け入れて彼／彼女とだけ契約する（他の共著者とは契約しない）。
他の共著者の詳細は記録はするが、時々、記事が提出されるまで気づかないことがある。、、、。

私はあなたが authorship を撤回したいことを 2018/07/10 の受け入れ教官（九工大）のメールで初めて知り、
翌日、あなたからのメールでそれが確認された。、、、
両者（受け入れ教官（九工大）とあなた）が我々に（独立で）連絡し、こちらのメールにも返信したので、十分な証拠だと思っ
た。
、、、。」

ボーッととして読むと尤もらしいが、よく考えながらチェックするとどうも胡散臭い。
（思い返すと、以前の BMC の返答もこんなであった）
、、、あまりにも**共著者の扱いがズサン**であるし、
時系列（つまり、実際には、私が連絡するより先にauthorship 撤回の許可を出したこと）を**改ざん**している。

その後、そこらへんについて更にたまたみかけて質問し、
「証拠」としての、公式文書（のコピーもしくはリンク）を要求したが、
「証拠」の提供はなく、言い逃れの様な説明をするだけだった。
その様な問答が数往復続いた後、
その上司（？）を照会され、
彼／彼女からのメール（2018/08/07）では、編集部の見解を支持するという旨が示されたが、
相変わらず「証拠」の提供はなかったの、私は改めて「証拠」の提供を求めた。
すると、彼／彼女は、再び「証拠」なしの説明をするだけだったので、

2018/08/08、私は、**彼（女）らの説明が信じられない訳を、**

「著作権は、文章を書き終わった時点で、全ての（共）著者に自動的に与えられる」
とする、**（ベルン協定 (Berne Convention) も含んだ）**国際的慣習、および、

「著作権の（撤回などの）変更の際は、全ての（元&新）著者の署名入り承認を要する」
とする、**出版倫理委員会 (COPE) の勧告**

を引き合いに出して説明し、

改めて、彼（女）らの説明を裏付ける「証拠」の提示を求めた。

2日経っても返事がなかったので、2018/08/10、私は、

「

これから24時間以内に「確固たる証拠」を示さなければ、以下の様に結論する：

(i) あなた方が、「百科事典」の各記事に関する慣行および契約についての虚偽の説明で

私を騙していたことを、告白した；

そして、

(ii) あなた方が、私の authorship を時期尚早に除いたことはCOPEの勧告に違反することを、認めた。

、、、

」

という、「**最後通牒**」を送った。

同日、上司（？）から、

「、、、法律部の助言と情報が必要で時間がかかる。24時間以内には確固たる証拠は提供できない。、、、」

との返事があった。

彼（女）らの言うことが本当ならば、確固たる証拠はすぐに提示できる筈であるので、

私は、この返事を持って、上記 (i) (ii) の様に結論し、

その旨を彼／彼女への返信で伝えた。（2018/08/12）

その最後に、

「私はただ、あなた方のものを去る。

あなた方を害すること（例えば、訴訟、警察や法執行当局への通報、等々）は何もせず。

しかし、もしあなたが再び私に害を与えようとしたら、

その時は全力で（一族の力を結集して）反撃する。」

と加えた。

[

結局、編集部が私をダメしていたことまでは（1ヶ月にわたる応酬で）明らかになったが、

「誰が」裏で糸を操っていたか？までは聞き出すことは出来なかった。

（その為には、内部での不協和音を生じさせるなど、さらなる「裏工作」が必要となり、
相当の年月を要したであろう。、、、まあ、誰だかは大体、見当はついていたが、、、。）

]

2017年7月初旬にこの百科事典の記事（"Genome Alignment"）の準備をはじめてから、

実に1年1ヶ月以上が過ぎていた。

そして、体調を更に悪化させる程の努力と苦勞と（「命」と引き換えに確保した）時間を相当費やした挙句、

「ゴースト著者」に成り下がり、また、自分の論文の「宣伝」もできずじまいとなった。

、、、まあ、それは構わない：今下手に注目を浴びてしまうと、

（「悪意」「善意」に関わらず、「妨害」の洪水に晒され、）

ANEX の開発が完全に頓挫しかねないので、、、。

[

、、、実は、この「authorship 撤回」の裏には、受け入れ教官（九工大）を「試す」狙いがあった。

私がこの記事の執筆の8割以上を行なったことを鑑みれば、

「出版倫理」や「研究者倫理」の意識が高い研究者ならば、

私の「authorship 撤回」は決して受け入れなかったであろう。

（どうしても受け入れるのなら、自力で記事をほぼ全て書き直したであろう。）

つまり、この一件により、彼の「研究者倫理」「出版倫理」に対する意識の低さが明らかになったのだ。

（もっと穿った解釈をすれば、彼からの執筆の誘いは、

初めから（ANEX 開発を遅らす為の）「時間稼ぎ」が主目的で、

私（の研究）の影響力増大に繋がりうる authorship や論文引用がなくなるのは、

「願ったり叶ったり」だった可能性もある。

(この時、編集部への連絡前の私と彼との議論は彼の「アリバイ工作」と解釈される。))
(もちろん、単に「出版倫理」「研究者倫理」に絞れば、
「authorship 撤回」をもちかけた私が一番悪いのだが、それを受け入れた方も「ほぼ同罪」なのである。)

]

さて、実は、この「authorship 撤回」の一悶着を挟んで、
受け入れ教官（九工大）と私との間での係争が繰り広げられていたのであった。(2018/05/29 — 2018/09/15)

事の発端は、
ここ数年間に渡る受け入れ教官（九工大）の言動を観察していると、どうも
彼はANEX 開発の進展および私の研究の普及を望んでいないのでは？と疑われたことである。
もっと具体的には：

- (a) この百科事典の記事の執筆や、BMC Bioinformatics に最終的には掲載された論文の執筆&投稿等、
その後、非常に時間を食うことになる活動を持ちかけられたのは、決まって受け入れ教官（九工大）で、しかも、
それは決まって、私がANEX の開発を本格的に再開しようとした矢先だった。
- (b) この百科事典の記事の推敲や校正の際は、彼はできるだけ関わらない（従って時間もかけない）様にし、
もっぱら私の方に作業を押し付けているみたいだった。
- (c) 校正の際の様々な「異常」（上記参照）は、Elsevier のみの仕業か？彼も関わっているのか？
- (d) 私が校正 1 回目を彼に投げてからから 2 回目に来るまでのタイムラグがあまりにも長すぎたが、
これは、BMC Bioinformatics での異常に遅い査読&制作プロセスの de javu を感じさせる。
（どちらにも関わっているのは、私と彼のみである（筈だ）。）
- (e) 「スパイ活動」の疑われる行為。
(ConBio2017 発表用のスライドを改定して彼に見せた後、
あるいは、この百科事典の記事の“Future Directions”を改定して彼に見せた後、
私には何の feedback もなかった、等々。)
- (f) かつてのJME査読者 1 の「論評」を読んだ感想を求めると、
「大丈夫、そんなにネガティブな影響はないよ」みたいな事を言っていた。
(私は「そんな筈ない」と内心想っていたが、彼が（実質的に）上司のため、黙っているしかなかった。
結局、「論評」の掲載以後、私の論文へのアクセスは、ぱったりと止まった。
彼は、訳のわからないインパクト統計を持ち出して「こんなにインパクトがある！」とか反論していたが、
その統計のほとんどは、「論評」前に稼がれたものの筈である。)
これと似た例として、「目玉動画」の最初のバージョンはとんでもなく酷かったのだが、彼は、
「我々も昔、あるプロジェクトの動画を外注したことがあるが、それは酷いものだった。これはよくあることだよ。」
みたいなことを言って、私とその動画を受け入れる様に働きかけた。
(これは、例えば、日本で貧困に苦しんでいる人々に向かって、
「アフリカや東南アジアではもっと酷いんだから、我慢しろ」
とか言って、救いの手を差し伸べようとしめない様なものである。)
(結局私は納得いかず、動画の大幅な改定を依頼した。)
これらから明らかなのは、彼は ANEX や私の研究の普及を心から望んでいない、とすることである。
[
ひょっとしたら、彼自身が「論評」や「目玉動画」をあのようにする様に働きかけたのではあるまいな？
]
- (g) かつてのJME査読者 1 の「論評」に対する「論評」を書く様に持ちかけたのも、彼だった。
[
そんなことしたら、ANEX 開発が頓挫するのは火を見るよりも明らかだったのに、、、。
]
- (h) 彼は、口（あるいはメールなど）では、私の研究を「essential」とか「非常に重要」とか褒めるけど、
どうもそれを外部に対し発信（あるいは口コミ）している様子はない。
[
百科事典の記事の執筆者として私を昔の友人に推薦するときには、友人に一応私の研究も紹介していたけど、
それは（私を引き込む為の）「餌」だと解釈できる。（それに、別途メールその他で簡単に相殺できる。）
]

同様に、私のことを「respect している」とか口（あるいはメールなど）では言うけど、行動が伴っていない。

[

例えば、ある学生セミナーの時、

彼が（最尤法に基づく分子系統解析パッケージの）PAML を用いて統計樹を作成する

ことに関して私にコメントを求めたので、私が、

「統計樹を作成する場合は、PAML ではなく、それ用に開発されたツール（ソフト）を使うべきだ」

という、PAML の開発者自身が（マニュアルなどに）記している警告を伝えたところ、

学生たちのいる前で「not essential」と言って、私に恥をかかせた。

あんたが聞いたから、丁寧に答えてやったんだろうが！、、、これのどこが「respect」しているんだろう？

（結局、彼の本音では、私の考えは（したがつてやっている研究も）「not essential」なのだ！！

、、、しかしながら、（私はともかくとして、）

PAML の開発者自身の警告も「not essential」と言えるほど、彼は偉いのだろうか？

、、、「だったら尚更のこと、PAML を使うなよ、」と言いたい。）

]

従って、彼の、（行動の伴わない）これらの褒め言葉を聞けば聞くほど、「何か裏があるのでは？」と、

余計に怪しく思えて来る。

等、枚挙にいとまがない。

それに、彼が、ANEX の開発の進展や私の研究の普及を望まないとしても不思議ではない理由（状況）も、

少なくとも2つは考えられた：

(A) 彼の元上司（& 恩師？）をはじめ、彼の昔からの友人には、「従来型」の、つまり「単一最適解探索型」の多配列並べ（MSA）の手法の開発者が沢山いる。

一方、ANEX を含む私の一連の研究は、正確な MSAs の確率分布を手軽に構築するプログラムを開発し、

これら「従来型」の手法に取って代わろうと言う非常に野心的な取り組みである。

だから、私の研究が広まってしまうのをあまり快く思わなくても理解できなくはない。

[

ただし、これが本当たししたら、結局彼は自分が属する「村」のことしか考えておらず、

この科学分野の正しい発展はどうでもいいと思っている、と言うことになる。

]

(B) 私が彼の研究を手伝っていた時に、その（致命的な）不備を指摘したことがあった。

それに対して、深い恨みを持っていて、その「復讐」としてANEX の開発を妨害しているのかも知れない。

私は、九工大を退職してから、すでに2年近くが過ぎ、もうこれ以上時間を浪費する訳にはいかないと考えた。

そこで、彼の、このANEX 開発プロジェクトへの関わり願望の本気度を、ここで知っておきたいと思った。

（もしも、

彼が本気で ANEX の開発& 普及に関わる意志& 願望を示さなかったら、別れるつもりだった。）

まず、私は、最初のメール（2018/05/29）に添付した手紙で、

どちらにしても、（体調的にも私の意志としても、）もう九工大には（あるいはいかなる研究機関にも）戻るつもりはない、

等の今後の基本的予定、そして、

私は昔からかなり規則的な生活を送っていること、でも今は体調は相変わらず良くないこと、等々の現状、

その最後に、私は現在（当時）思った以上に「四面楚歌」な状況かも知れない

（そして彼が「敵方」か「味方」か分からない）旨を伝えた。

これによって、（仮にこのまま協関係を続行することになった時に、）

彼に後から「話が違う」等と非難されるのを防ぐ為である。

そして、彼からの返事（2018/06/03）は、

相変わらず、昔に言っていたことと矛盾する内容で微妙にこちらの主張に合わせて（あるいは主張を否定して）来た

（そう言うことばかりやって一貫性がないからこそ、彼の言うことは、信用できないのだ！）が、

その中で、（案の定、）「彼が「敵方」か「味方」か分からない」旨に対して、どういうことが尋ねて来たので、

私は、その返事（2018/06/06）で、

上記 (a)-(h) の不審な挙動と、考えうる理由 (A) & (B) を彼に示し、

「証拠」のない言葉だけの説明など、何の信ぴょう性もないので、やるだけ時間と労力の無駄だ、だから、しなくていい。

（逆に言えば、**信じて欲しければ「証拠」を示す様に。**）

と伝えた。

それに関わらず、彼はその後、再三に渡って（「証拠」なしの）言葉だけの説明をして来た。

[
私はいい加減、「これも ANEX 開発の妨害の一環か？」と思ったほどである。
]

更には、私の今後の予定&現状に対しても、昔と矛盾する話を持ち出しながら、
（それでも相変わらず昔と同様）私の予定を変える様に説得を続けた。

[
、、、これのどこが、私を「respect」しているのでしょうか？
、、、結局、自分の良い様にしようとしているだけではないか！
]

[
ちなみに、その中で、彼は理由 (B) の、「（致命的な）不備」とは何か？
を尋ねて来た。

、、、もし彼が本当に私を respect しているなら、当然そのことは覚えていて、
「ああ、あのことか」と分かる筈である。従って、こんなことを尋ねている時点で、私のことは respect していないことを証明している様なものである。
、、、ひょっとしたら、議論に（中高生程度ではあるものの）数学を多用していた為、
理解できず、「not essential」として無視（あるいは破棄）していたのかも知れない。
だとしたら、再び（数学を用いて）議論するだけ無駄である。
、、、仕方がないので、私は、数学的議論は端折（はしよ）って、要点だけ伝えたが、
その返事で彼は得意そうに「それはもう対策済みだ」と言って来た。
（私には、その対策は不十分にしか思えなかったが、ここで下手に反論すると、
今度は本気で恨まれて更にひどい妨害を受ける可能性があったので、
適当に受け答えしてスルーすることにした。
、、、本当に「神々」の扱いは面倒である、、、特に私の様な「虫ケラ」にとっては。）

（注：私が「神々」と言う時に、別に彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている人々）
を（敬意は持っているが）崇拜しているわけではないし、
「虫ケラ」と言う時に、別に自分（ら）を卑下しているわけでもない。
私はただ、彼（女）らの「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！！）

]

これらに一々返答していても拉致があかないので、
私はまず（2018/06/14）、彼が何と言おうと、私の予定は変えないことを伝え
（これをしとかなないと、後で「話が違う」と非難され兼ねない）、

それに続いて（同日）、彼の ANEX 開発に対する「真意」を探る為、
「盟神探湯（くかたち）」を実行することにした。

「盟神探湯（くかたち）」とは、古代日本における（呪術的）裁判様式の一つで、

裁きを受けるものは手を熱湯の中に入れ、正しければ火傷せず、罪のあるものは大火傷を負う、
（もしくは、手を毒ヘビの入った壺に入れ、正しければ無事で、罪のあるものは蛇に噛まれる、）

といった方法で裁く。

これだけ聞くと、非常に野蛮で非文明的方法と思うかも知れないが、
迷信が幅を利かせていた昔においては、恐らく、（原始的な）「ウソ発見器」的な役割を果たしたのではないか、
と私は想像する。

すなわち、ウソをついているものは、いざ「盟神探湯（くかたち）」をやる段になったら、
恐れおののいて（ウソを）白状するか、「やめてくれ！」と許しを請うことにより、
ウソが暴かれたのであろう。

[
熱湯に手を入れられるのは、よっぽど（自分の「正義」に）自信があるか、頭がイカれているか、どちらかであろう。
]

しかしながら、現代日本で実際に相手の手を熱湯に入れさせたら、間違いなく「お縄」になってしまう

(し、そもそも(私は関東、彼は九州と)物理的に離れているので、やりたくても無理である)。

そこで、私は、実質的な「盟神探湯(くかたち)」として、**「誓約書」**を作って彼に送りつけた。(2018/06/14)
その内容は、要約すると、

まず、彼は、ANEX 開発&普及、妨害活動の防止、等を手伝わねければならない、
(と、共同開発者(&論文の共著者)ならば、やって当然な活動を示し、)

ただし、破った場合、その償いとして、
「(彼は)直ちに現在の職を辞し、比叡山(もしくは永平寺)で20年間以上続けて厳しい修行に専念する。」

というものであった。

確かに罰則こそ厳しいが、共同開発者としてやって当然な活動を普通にやって居さえすれば、
こんな「誓約書」は、紙くず同然である。

しかしながら、

もしも(始めから)ANEX 開発を妨害する、あるいは開発&普及を怠るつもりだったらば、
この「誓約書」にサインすることは、(研究者としての)「終わり」を意味する。

私は彼が笑って一発でサインしてくれるものと期待して(あるいは「祈って」)いたのだが、
現実違った：

(その後何度かのやりとりで、)彼は、何かと理由をつけてサインするのを渋り、挙げ句の果てに、
この「誓約書」を無効にする様な「交換条件」をつけた上で、サインするのに同意した。(2018/07/04)

[
、、、それでは全く意味がない!、、、本当に「神々」は、こういった悪知恵だけはよく働く。

]

[

それだけではなく、その前に(2018/06/30)、
「そんな酷いことばかり言っているあなた(江澤)とは、これ以上一緒に研究できない。」

という、**「脅し」**を前もって示した後である。、、、**姑息すぎる!!**

(注:彼は敢えて「酷い」言葉だけを(文脈を無視して)拾い読みしている)

(注:それに、そもそも、今まで一緒に研究などしていない!(こちらが持ちかけても彼は応えなかった。))

]

結局、私の実質的な「盟神探湯(くかたち)」の結果、
(この非常に消極的な態度を鑑み)彼は**「クロ」と判定された。**

つまり、

**彼からは、ANEX の開発&普及、(および妨害の防止)を手伝いたい、
という本気の思いが全く見えてこなかった。**

[

、、、結局、彼の「あなた(江澤)の研究は essential だ」等の「褒め言葉」や、
「ANEX の完成を望んでいる」などと言う耳障りの良い言葉は全て、
ハートのこもっていない、ただの「言葉」だけであることを知った。
、、、私は何故、彼が私にこういった不誠実な態度を示すのか、良く分からない。
、、、彼の、(外部から依頼された)仕事の様子をはたから見た限りでは、非常に誠実な仕事ぶりであった。
思うに、彼(=「神々」の一員)は、他の「神々」に対しては誠実に対応し、
不誠実に対応するのは、私の様な「虫ケラ」に対してだけなのかも知れない。

(注:私が「神々」と言う時に、別に彼(女)ら(=自分を「神々」と思っている人々)
を(敬意は持っているが)崇拜しているわけではないし、
「虫ケラ」と言う時に、別に自分(ら)を卑下しているわけでもない。
私はただ、彼(女)らの「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ!!)

]

[

ちなみに、この「盟神探湯(くかたち)」に関するやり取りの中で、何故か分からないが、
彼は「2018/03/28 に開かれた配列解析シンポジウム(産総研、パイオ.IT総合棟、11F)で
江澤に話してもらいたかった」と語った。、、、そんな話は微塵も聞いたことがない。
(本当に話して欲しかったら、少なくとも打診くらいはしている筈である。)

(「体調を心配して」とか言い訳してたが、

それなら普通、同時期に行っていた百科事典の記事の執筆も止（と）めてた筈である。）
、、、結局、分かったことは、本来、この分野の正しい発展を心より望むなら、
当シンポジウムに当然呼んでもおかしくない私を、彼は呼ばなかった、という**事実**だけであった。
これだけで、彼が私（あるいはその研究）および学界の発展に関してどう考えているかはもはや明白であった。
]

この時点で、**私は、彼と「袂を分かť」決心をほぼ固めた。**

彼が、（これまでの）私の妨害工作に本当に関わっていたかどうかまではまだ分からない（「グレー」である）。
しかしながら、彼が、ANEX の完成&普及を本気で望んでいないことが判明した今となつては、
彼と共同開発し、例えば何か一部でも担当させたら危険である。
百科事典で起こった様に、その部分を「人質」に取られて、完成を延々と遅らせられる危険もあるし、
下手したら、プログラムの一部にバグを埋め込まれる危険すらある。
それに、（仮に彼が善意を抱いていたとしても、）
完成を望んでもいないプロジェクトにこれ以上無理やり関わらせるのも申し訳ないことである
（特に、彼の友人との付き合いもあるだろうし、、、）。
ここは、お互いきっぱりと別れて、別の道を歩むのが、お互いにとって最善なのではなからうか。

とは言うものの、まずは、
（彼自身は単に「恫喝」するくらいのつもりで書いたとした思えない）2018/06/30 の彼のメールに
真摯に返信して、彼の反応を見て見ることにした。

すぐにでも、彼に返事を書こうと思ったが、
この時期、飯塚を含む九州北部で大雨と水害があり、
飯塚キャンパスも大変なことになっているみたいだったので、
水害の被害がおちつくまでは返事を差し控えることにした。

[
大体、この辺りから、（上記の）百科事典の編集部との一悶着があった。
]

そして、水害の被害もほぼ収まり、百科事典の編集部との一悶着がひと段落ついた 2018/08/21、
彼の2018/06/30 のメールへの真摯な返信を書いて送った。

翌日（2018/08/22）、彼から「忙しいので 2018/08/30 まで待ってくれ」と返信があったので、
待ったが、
その 2018/08/30、今度は「まだ忙しい。2018/09/09 まで待ってくれ」と連絡があった。

、、、これって、良くある、
女の子が好きでもない男の子からデートに誘われた時に延々と期日を延ばす「手口」
と一緒だね、、、。
[
似た様な手法は、かつて、BMC Bioinformartics の異常に長い製作プロセスでも見られたが、、、
、、、ひょっとしたら、彼が BMC に教えたのではなからうな？
]

、、、いずれにせよ、彼（＝「神々」の一員）は、
どうやら私の様な「虫ケラ」に対しては、あくまでも不誠実に対応するつもりらしい。

ちなみに、こう言う対応は、過去にも、関係が「終焉」を迎える前の「末期症状」として
たびたび見られたものであった。

、、、こうなったらもう、関係を修復するのはほぼ不可能である。

非常に遺憾で、また悲しいことではあるが、彼はもう私とは付き合うつもりはないらしい。

本当は、飯塚で3年半お世話になった彼には、十分「恩返し」をしたかった
（からこそ、ANEX の開発に（形だけでも）関わってもらおうとした）のだが、
こうなってしまった以上、致し方ない。

私は、不本意ながらも、「泣いて馬謖を斬る」思いで、彼と「袂を分かť」ことを決心した。

[
注：馬謖を斬ることを命じた孔明は、馬謖の「上位」であり、
私は彼の「下位」なので、立場が反対だが、他に良い例えが思いつかないので使わせてもらった。
]

まず、2018/08/31 に、過去2回にわたる彼のメールの意味の解釈（上記）を述べ、
2018/08/21に出したメールを彼が全面的に受け入れたと解釈したうえで、
2、3日後にその続きを送る旨を伝えた。

翌 2018/09/01、彼から「全面的には受け入れていない。来週まで待て」と返事が来た。

しかし、この時点ですでに「袂を分かť」ことを決心していた私は、
もうこれ以上待ってもあまり意味はないと判断し、**「彼との別れを告げるメール」**を3回に分けて出した
(彼が「全面的には受け入れていない」ことは踏襲した)：

1. 彼の 2018/08/31 のメールに対する返信 (2018/09/03) ；
2. 彼の 2018/07/04 のメールに対する返信 (2019/09/04) ；
3. 総合的な返事 (**「別れ」のメール**) & **「事後整理」** の相談 (2019/09/06) 。

特に、3、では、「袂を分かť」旨をはっきりと伝え、その理由を（上記に述べたものをもっと詳細に）述べ、
そして**「事後整理」**として、
彼の研究室のホームページでの扱い、以前彼からもらった配列データの扱い、
ANEX の論文における所属機関や謝辞、財源の扱い、等についてどうすべきか相談した。

2018/09/09 の彼からの返信で、
ホームページには、私（江澤）の論文を研究室の成果に掲載したい、

[
、、、と言いつつ、2020/08/31 現在、まだ私の論文は掲載されてない。
（「ホームページは準備中」としながらも、自分の成果だけは ResearchGate の自分のページとリンクしている。
、、、彼お得意の、「口だけ」って奴か？ 、、、恐らく「準備中」も、非難をかわす為であろう。）
（、、、そういえば、以前私のことをフォローも支持もしていないことを指摘すると、
「ResearchGate のページはあまり管理していないから、、、」とか言い訳してたが、
それもウソだったことがこれで証明された。）
]

配列データは消去して欲しい（確認はしなくても良い）、
所属機関は九工大にする必要はない；謝辞に記せば十分だ；財源は2016年と同じ、

等が決まった。

これで本当にお別れである。

私は、飯塚で彼から受けた3年半に渡る恩を十分返せなかったことが非常に心残りだったので、せめてもの
「最後のお礼」として、高級酒、**「菊理姫（くくりひめ）」**とそのつまみ（阿蘇の手作りソーセージ等）
を送った。

「菊理姫（くくりひめ）」は、私の様な貧乏人にはこれ以上ない、精一杯のお礼の気持ちだった。

[
私が「最高の」贈り物として時々使った「秩父錦、金賞受賞酒」（一升約1万円）より（容積あたり）5倍近く高い。
]

[
ちなみに、菊理媛（ククリヒメ）とは、日本書紀に一度だけ登場する謎の女神で、
黄泉比良坂でイザナギとイザナミが友好的に別れる手助けをしたとされている。
]

[
ちなみに、彼は別れ際に、「江澤さんは自死しないと思います」みたいな事を言っていた。
、、、私が彼に送ったメール（&手紙）を真面目に読めば、
私が（その前に病死、事故死でもしない限りは）いずれ自殺（＝自死）する事は明らかなのに、、、。
彼のこのような発言自体、私の言う事を信じていない、即ち、私を尊重などしていない、事の「動かぬ証拠」である。

（どうせ彼は後に「江澤さんのことは信じてなかったが尊重はしていた」等と言い訳するのだろうが、
それが詭弁であることは誰の目にも明らかである。）

また、彼はそれより前に「江澤さんのことをこんなによく解っている」等とも言っていたが、これでそれもとんでもない間違いであることが明らかになった。

]

[

また、彼は別れ際に、**受け入れ教官（遺伝研）**が関与していたのをほのめかす様な発言をしていた。

、、、確かに、受け入れ教官（遺伝研）は既に、私が米国からの帰国前後の数々の「おかしな出来事」や、九工大に移った直後の私の言うことは聞かないくせにやたらと連絡だけはよこしてくる学生など、様々な「おかしな出来事」に関与していた疑いは高い。

（恐らくその「動機」は、私が彼の申し出や勧めを度々断ったことに腹を立てて、といった所だろう。

、、、しかし、私が断ったことが結果的に彼（やその知人）のプロジェクトが無事進んだことにつながっている、と言う事実を、彼はもっと認識するべきである。

（私が関わっていたら、恐らくそのプロジェクトは潰れていた。

私は大勢の人間（およびコンピュータ操作）が苦手なのだ！）

私が百科事典の記事の執筆に携わっていた間にも、

彼の教科書の様な著書（英語版）の**第2版**のチェックを手伝う様に執拗に要請して来た。

（2018年2月下旬から5月下旬）

私は体調がすぐれない上に百科事典の執筆にも関わっていた為、

「そんなのは彼の他の（元）学生や（元）部下達に依頼すればいいだろう」と思って、断っていたが、あまりにも執拗だったので、「これをもって、あなたへの『最後の恩返し』とする」と断りを入れた上で、私の専門分野でもある、重複遺伝子の進化、挿入／欠失も含むゲノム再編成、それから集団遺伝学に関わる部分だけはチェックすることを受け入れた。

そして、論理の不備、数式の間違い、説明不足、事実誤認、等を数多く指摘した上で、

更に、英文法&語法の誤りの可能性を沢山指摘した。

[

ちなみに、彼には（恐らく故意にだとは思うが）冠詞を（つけないことも含め）誤って使う癖があるのだが、それをいちいち全て指摘すると、原稿が修正だらけで真っ赤になってしまって、

彼が「さじを投げて」しまう恐れがあったので、それは差し控えた。

、、、きっと、ネイティブスピーカーの編集者が直してくれるだろう。

]

後日（2019年？）、彼がご丁寧にも、無事出版された問題の著書（第2版）を一部、私に郵送してくれた。

その**出版社名**を見て私は驚いた：何と、あの、（**BMC**を傘下に持つ）**Springer**だったのである！！

[

ちょっと申し訳ないことに、結局時間がなくて、読むことは出来なかった。

、、、まあ、彼らが私の（命以上に貴重な）時間を奪ったのだから、「自業自得」だとも言える。

]

しかし、私には、今のご時世でこんな著書を出版したくなる気持ちは到底理解できない。

[

私からすれば、単に「時間の無駄」である；そんな時間があつたら、もっと研究に時間を割く。

]

何か分からないことがあれば Google で調べれば十分であろうに、、、。

[

ちなみに、この手の著書は、

著者の（かなり）偏った観点が反映されていることが多いので、読む際には注意が必要である。

（どうしても読みたいのであれば、）

（違う学派、グループに属すると分かっている）独立した著者が著した本を少なくとも2、3冊読まなければその分野での**真のコンセンサス**（に基づく事実認識）を知ることは出来ないであろう。

]

、、、逆に、（観点も含め）その著者自身について知りたければ、こう言った著書を読むのはおすすめである。

とにかく、人間は初めに読んだ本に「刷り込み」（imprinting）されてしまう傾向が強いので、要注意！

いずれにせよ、私は、この「執拗な（彼の著作の）チェックの要請」は、

彼がどうしても私のチェックを欲していた結果というよりも、

私の研究活動を妨害する意図で行われた、と疑っている。

[

ちなみに彼（受け入れ教官（遺伝研））は、

私の前では私のことを「優秀だ」「臥龍（＝諸葛孔明）のようだ」等と持ち上げておきながら、

陰では私やその理論研究（特に Ezawa 2016a,b,c）の負の評価を広めて回っている様である。
（そういう姑息なところは、まるで、九工大の誰かさんの様である。）
とりわけ、彼の論文引用 5 万件突破記念シンポジウムで私を演者として招待しなかったり、
彼の研究室の論文作品集の様な本（？）の一章の執筆に招待しなかったりと、
私（やその研究）をあからさまに「干しに」かかっている様だ。（ここも九工大の誰かさんと似ている。）
（まあ、招待されても、体調不良のため断らざるを得なかったが、
問題はそこではなく、彼の（私を「干そう」という）意図にある。）

しかし、今回 ANEX が完成して世に広く知られば、彼（およびその「共謀者」達）の行いはきっと、
（新たな天才）S. Chandrasekhar のブラックホールの理論を学会の聴衆の前でコケにして
天文学の進展を 30 年遅らせたとされる（古き天才）**Arthur Eddington**
と同様、**科学の「黒歴史」**にしっかりと刻み込まれることになるだろう。
（まあ、彼は（「世界に 3 人しかいない」と言われた）Eddington 程の超天才ではないが、、、。）

]

]

[

彼（受け入れ教官（九工大））が、九工大時代の始めの数年間よく言っていたのが
「江澤さんには全力で研究して欲しい」
と言う類の言葉だったが、後半になるとまったく聞かなくなった。
恐らくその本心では、
「おまえのような『虫ケラ』が一人で全力でやったって、どうせ何も出来やしないんだ。
今はせいぜい全力でやってみな！、、、後で挫折して泣きつくのが見ものだぜ！」
とでも思っていたのであろう。
しかしながら、彼の予想に反して私のプロジェクトが着実に進展して来たので、
焦った彼は様々な妨害工作に加担し始めたのかも知れない。

]

[ANEX 開発再開]（大体 2018/09/15 辺りから）

[

[ANEX 研究開発の背景&動機]

ここで一旦、私が **ANEX (alignment neighborhood explorer)** を研究開発している**背景&動機**について
手短におさらいしておく。

背景の一つは、多配列並べ（multiple sequence alignment, **MSA）の相同配列解析における立ち位置である。**
一般的な相同配列解析の流れは（Ezawa & Yada 2017 のスライド 3）：
（１）調べたい配列を実際の生体サンプルや配列データベース等から取得する；
（２）取得した配列を query（質問）としてデータベース等で相同性検索をかけ、相同な配列を取ってくる；
（３）それら相同配列を使って **MSA を復元**する；
（４）復元した MSA を用いて、
配列間の系統樹作成、（自然選択検知などの）進化解析、立体構造予測、機能予測、etc. といった、
様々な下流解析を行う、

といった感じであるが、**MSA の復元**は、その中でも「**扇の要**」に位置する、非常に重要なステップである。
（MSA 自体の説明は、Ezawa & Yada 2017 のスライド 2 を参照。）

一方で、MSA の復元は、最も誤りの起きやすいステップでもある。
条件さえ整えれば、上流の配列決定や相同性検索は非常に高い精度で行える。

[例：

International Human Genome Sequencing Consortium 2004. Nature 431:931-945 ;
Altschul et al. 1997. Nucl Acids Res. 25:3389-3402.

]

また、下流解析、特に系統樹作成等も、（入力 MSA さえ正しければ）高い精度で行える手法やツールは存在する。

[例：

Felsenstein, J. 2004. "Inferring Phylogenetics" (Sinauer);
Yang, Z. 2006. "Computational Molecular Evolution" (Oxford Univ. Press).

]

しかしながら、MSA の復元で誤りが起こってしまったら、

折角のこれら上流&下流での高精度な処理能力も無駄になってしまう。
つまり、MSA の復元が、「**正確さ制限ステップ**」(accuracy-limiting step) になっている。

私自身も、2002年7月に遺伝研に移って以来、当時の**実質的標準ツール**、
Clustal W (Thompson et al. 1994. Nucl Acids Res. 22:4673-4680)、
を用いて復元した MSAs にしばしばウソくさいギャップの置き方

[例：
長いギャップに挟まれた短く類似性の低い（多分偽りの）「相同領域」
]
等にでくわし、なんとかならないものか、その度に考えていた。

[
そして、（前述の）2つの MSAs を比較して一致しない部分を抜き出すサブルーチンや、
一つの query 配列に対する複数の PWAs を組み合わせて、MSA を構築する Perl スクリプト等、
MSA に関わる様々な解析を行うツールを作成したりしていた。

]
[
それに加え、（遺伝研時代には）系統樹を加工したり解析したりするツールも数多く作成していたので、
UH にいた頃からは、系統樹と MSA を同時に解析するツール等も作成できる様になっていた。
]

（**当研究プロジェクトの**）**動機の一つ**となったのは、系統解析にはブートストラップ法やベイズ統計方など、
復元した系統関係の「不確かさ」を見積もる方法、あるいは代替系統樹の確率分布を与える方法、
が存在するのに、「どうしてMSA の不確かさや代替 MSAs の確率分布を与える方法は存在しないのか？」
と（遺伝研時代に）疑問を感じた事だった。

[注：
実際には既に存在していたが、当時はあまり知られてなかった（し、ツールも非常に遅かった）。
]

[
私自身が元物理学者であり、（統計物理学や量子力学といった）
確率的なものの扱い方に慣れ親しんでいた事も、そうした疑問に拍車をかけた。
]

そして、2009年9月に米国 Houston に渡り、同僚の一人の話から、
そういった配列並びの不確かさや確率分布を与える方法、「**統計的配列並べ**」(statistical sequence alignment)、
が実際に研究されていることを知った。

しかしながら、後に（2014、2015 頃）更に調べてみると、
これまでの統計的配列並べ（とりわけ統計的 MSA）の研究はほとんど全て
（標準的）隠れマルコフモデル（hidden Markov model, HMM）を用いており、
（Mikl\{o}s, Lunter, Holmes 2004（前述）の特殊な HMM を除いて）HMM が
真の (genuine) 配列進化モデルから導かれたという証拠／証明はない
（そしてMikl\{o}sらの HMM は（遅い為）統計的 MSA に使われたことはない）ことを知った。
言い換えれば、
これまでに開発された統計的 MSA の手法では、
正確な代替 MSAs の確率分布を与えることは、原理的にすら無理である、
ということになる。

従って、**真の (genuine) 配列進化モデルを用いて代替 MSAs の確率分布を計算する手法**
を開発すれば、それは、**相同配列解析&分子進化の正しい方向への発展に**
重大 (significant) な寄与ができるであろう、
と考え、その開発に本気で取り組むことを決めた。

そして、その予備解析の一つ (Ezawa 2016a) で、
復元 MSA の**近傍**を調べるだけでも、圧倒的過半数の誤りでは、真の (true) MSA に到達し得る、
ことが示唆された為、
復元 MSA の近傍を探索することにより、
真の (genuine) 配列進化モデルを用いて代替 MSAs の確率分布を手軽に計算する手法
を開発すれば、そこそそ有用である筈だ、と考えた。
そして、その様な手法を暫定的に "**ANEX**" (**alignment neighborhood explorer**) と名付け、
その開発に全力で邁進することとなったのである。

[追加補足] もう一つの重要な動機としては、
配列並べのギャップは挿入／欠失によって形成されるので、
少なくともギャップを調べれば、原理的には挿入／欠失の歴史が推量できる筈であるが、
塩基（およびアミノ酸）置換の進化モデルは数多くある（し、確率計算法も確立している）のに、
どうも挿入／欠失の進化モデル（および確率計算法）は見当たらない
（注：実は幾つかあったがあまり知られてなかった）ので、

（UH にいた 2009-2011年頃に）「それでは自分で作ってしまえ！」
と思って、先ず、Dollo 最節約法（Farris 1977. Syst Zool. 26:77-88）に基づいた、
挿入／欠失の最節約的歴史を列挙するアルゴリズム
と、その列挙した歴史を用いて入力 **MSA** の出現確率の挿入／欠失成分を近似的に計算する方法（共に Ezawa 2016c）
を考案したのが、始まりだった。

[
それがどんどん最節約的以外の歴史も含める方向へと発展していった（Ezawa 2016c, Ezawa 2020a）。
]

[
なお、**挿入／欠失**は、頻度では塩基置換の1/10 程度であるが、それに関与する塩基の総数と比較すると、
塩基置換の2～3倍にもなる、という観測結果がある
（Britten 2002. PNAS USA 99:13633-13635; Britten 2003. PNAS USA 100:4661-4665）
（し、配列データ解析で得られるベキ乗則を用いて計算すると、場合によってはもっと大きくなる）。
従って、挿入／欠失が配列進化に与える影響は決して無視できない。
]

【もっと簡単な背景&動機の説明】

以上の背景&動機の説明を、（誤解を恐れずに敢えて）
「**初心者（部外者）でも解るように（？）**」比喻を用いて説明すると、以下の通りになる。

生物の進化、とりわけ（DNA 配列等の）**分子進化は「神様」の双六（すごろく）ゲームの産物である。**

[注：
ここで言う「神様」は、私がよく引き合いに出す「神々」とは関係すらない。
]

「神様」は
「いつ」、「どこで（どの配列のどの場所で）」、
「どの様に（置換／挿入／欠失、変化後の状態（挿入／欠失の長さも含む）」、
配列の変化（**変異**）が起きるかを、（ある目的や意図に即してではなく）
ただ単にサイコロを振って
（あるいは「ルーレットを回して」と言った方がより正確かも知れない（ので以下はこちらを採用する））
決定し、あとは「自然の成り行き」（偶然、自然淘汰等）に任せる。

[注：
実際には、この「自然の成り行き」も含めて「ルーレット」に組み込んでいる、と言った方が正確かもしれないが、
ややこしくなるので、（初心者（部外者）への説明が目的の）ここでは無視する。
]

さて、真の（true）**多配列並び（MSA）**等も、この様な「神様」の双六（すごろく）ゲームの一つの帰結として、
考えることができる。

[
MSA 自体の説明は、Ezawa & Yada 2017 のスライド2を参照。
]

すると当然それは「偶然の産物」であるから、
「神様」の双六（すごろく）ゲームの帰結の可能性としては、例えば（同じ配列集合を与える多配列並びに絞って）：

多配列並び A が30%の確率、
多配列並び B が20%の確率、
多配列並び C が15%の確率、
多配列並び D が10%の確率、

多配列並び E & F & G が各々5%の確率、
その他大勢が併せて 10%の確率、

の様な感じになったりする。

(Clustal W も含む) **従来型の MSA 復元の手法**では、最も確率の高い一つの MSA (上の例では A) を同定するのが目的だった。

しかし、誰でもお分かりの通り、これだと、(上の例では) 仮に正しく A を同定できたとしても、それが進化 (すなわち「神様」の双六 (すごろく) ゲーム) の 実際の帰結 (= 真の (true) MSA) である可能性は たった30%であり、残り70%の確率で「間違っている」ことになる。

[注 :

実際には、(特に長い配列の場合) 最も確率の高い MSA が実際の帰結である可能性はもっとずっと低い。

]

この問題の一つの解決法は、

可能な多配列並び (複数) の確率分布を「復元」すること (=統計的 MSA 法) である。

こうすれば、「神様」の双六 (すごろく) ゲームの 実際の帰結 (= 真の (true) MSA) を「再現」(ただし確率的重み付きで) できる可能性は格段に上がる。

しかしながら、ここ (統計的 MSA 法) での新たな問題は、「**ルーレットの選定**」である。

我々が (「復元」で) 用いる「ルーレット」が「神様」の用いるルーレットに近ければ近い程、「神様」の双六 (すごろく) ゲームの可能な帰結 (複数) を (その確率も含めて) 正しく予測できることになる。

これまで開発された方法では、「神様」のとは似ても似つかぬ「ルーレット」 (= (標準) HMM) を用いていた。

それを、

「神様」が使っているのにもっと近い「ルーレット」 (=真の (genuine) 配列進化モデル) を用いて
双六 (すごろく) ゲームの可能な帰結 (複数) を予測する手法を開発しよう、

というのが、**ANEX (alignment neighborhood explorer) 研究開発プロジェクト**である。

[

例えば話を持ち出すならば、

相同配列解析における **真の (genuine) 配列進化モデル**とHMMとの違いは、

天文学における「**地動説**」と「**天動説**」の違いのようなものである。

「**天動説**」で (「逆行」等) 惑星の複雑な運行を再現/説明するには、複数の円軌道を組み合わせる等、
複雑かつ不自然なことをする必要があったが、

「**地動説**」では、ただ、惑星が太陽の周りを回っている、とすれば十分であった。

同様に、**HMM**で、実際の配列で観測されるギャップパターンの頻度を説明するには、

複雑かつ不自然なことをする必要があったが、

真の (genuine) 配列進化モデルでは、単に尤もらしい挿入および欠失それぞれの長さ分布を入力すれば十分である。

そして、天文学では、「**地動説**」が導入されて初めて、

Kepler の3法則 > Newton の万有引力の法則 > Einstein の一般相対性理論

と、どんどん精度の高い観測 & 予言が可能になった。

同様に、相同配列解析においても、**真の (genuine) 配列進化モデル**の導入により、

これまで (HMMでは) 出来なかった様な、精度の高い解析 & 予測ができるようになることが期待される。

]

[

一つ、この例えが成り立たないのは、

「**地動説**」は、提唱当時、人々の直感と合わず、なかなか受け入れ難かったが、

真の (genuine) 配列進化モデルは人々の (進化の) 直感とそのまま合致し、受け入れるのが容易である、
という事である。

]

[ANEX 研究開発の背景&動機：終わり]

]

さて、受け入れ教官 (九工大) と「袂を分かった」私は、九工大を去ってから2年近く経って、
ようやく、**ANEX の研究開発**に専念できるようになった。(大体 2018/09/15 辺りから)

[

なお、私のメールアドレスにはしばしば（特に胡散臭いオープンアクセス出版社から（あとは何故か ResearchGate から））
論文の査読の要請やら、本の一章の執筆の要請やら、総説の執筆の要請やら、論文へのフィードバックの要請やら、、、、
が送られて来ていたが、**私はほぼすべて無視あるいは拒否した。**
、、、どうせほとんどは「敵方」の妨害工作か、もしくはガチの詐欺である。
、、、そんな奴らの為に、私が「命と引き換えに」確保した貴重な時間を浪費する訳には、もう行かないのだ！！
（既に、「妨害工作」のせいで2年近く棒に振っているのだから、、、。）

、、、ただし、「善意」かも？と疑われる場合には、丁寧な返事を出して断った。
]

[
研究開発の再開に先立ち、私は**重要な変更**をした。
それまで、各ウィンドウの**ギャップ・ブロック** (gap-blocks) は
2重の入れ子構造（ギャップ・ブロック のクラスターの集合）に収められていたが、
これを**単純な一重構造**（要するに、単なるギャップ・ブロック の集合）に変えた。
これにより、ギャップ・ブロック の移動を扱う**サブルーチン等の開発が容易**になり、また、
ユーザや後進の開発者にとっても**単純で分かり易く**なった。
（ただし、その「代償」として、（例えば並べられる配列の多い）大きな MSA の扱いが多少遅くなる可能性はある。
が、それは、いずれにせよ、将来の課題である。）
]

その頃取り掛かっていたのは、
入力 MSA を幾つかの（重なり合い得る）ウィンドウに分けた後の、
各ウィンドウの中にある複数個の**ギャップ・ブロック** (gap-blocks) を同時に（かつ独立に）**水平シフト**させる
のを**網羅的に**実行する**サブルーチン**を作成する事であった。

その為には、先ず、複数個のギャップ・ブロックの**位置**（もっと正確には**配位 (configuration)**）を
一意的に指定できる様な座標系を確定する方法を考案せねばならない（概念図は Ezawa 2020b の図5 参照）。
これは、実は一筋縄にはいかない：
2つ（以上）のギャップ・ブロックが垂直方向でお互いに重なり合わない場合、
お互いにスルーするだけなのであまり問題はないが、
垂直方向でお互いに重なり合う場合は、
一方が動くともう一方にも影響を与えたりすることがあるからだ（Ezawa 2020b の 図14、15、16 参照）。

色々と考えを重ねた結果、満足いく方法を確立したのは、約5ヶ月後の 2019/02/17 だった。

次に、上記サブルーチンの「核」となる、
複数個の**ギャップ・ブロック** (gap-blocks) の同時に（かつ独立な）**水平シフト**を**網羅的に**行う**アルゴリズム**
の開発に臨んだ。
これは、サブルーチン（関数）の再帰呼び出し（recursive call, recursion）を用いれば原理的にはできるのだが、
私は、プログラムの安定性および速さの立場から、再帰呼び出しを用いない方法で作ったかった。
幸い、私が持っていた教科書、「アルゴリズムC」
（R. Sedgewick 著；野下浩平／星守／佐藤創／田口東 共訳；近代科学社 (原著：Addison-Wesley Publishing)）
に再帰呼び出しを除去する方法が記述されており、
それを参考にしてアルゴリズムを考案した（概念図は Ezawa 2020b の図6 参照）。（2019/03/20 頃完成）

また、ほぼ同時期に、シフト以外の**基本的動き**
（各種の融合 (merge)、分裂 (split)、対消滅 (purge)、対生成 (ex-nihilo, or reverse-purge) 等；
Ezawa 2020b の図3 参照）
を実現するアルゴリズムをはじめとする、いくつかの**副次的なアルゴリズム**も考案した。

[
ただし、基本的動きの一つ、**逆CII (reverse-CII)** は、当初は要らないだろうと思って後回しにしたが、
ANEX の適用範囲（もっと正確には、適用できる MSA 復元プログラムの種類）を拡げる為に、
遅ればせながら約半年後にアルゴリズムを考案した。（2019/09/22 頃完成）
]

さて、上記の同時水平シフトを網羅的に実行するサブルーチンを Perl で実装したのは、2019/05/29 までで、
その後、それが**正常に動作**するか？そして、時間的パフォーマンスは如何程か？
に関する**テスト**（&デバッグ）は、**2019/06/08** までかかった。

その結果、 $10 \times 10 \times 10 \times 10$ （単位、塩基サイト）の（座標の）超立方体上で同時シフトを網羅的に行っても、2秒ほどで済むことがわかった。
（ちなみに、各代替 MSA の出現確率も同時に計算している。）

これは、仮に、4つのギャップ・ブロックの各々に、“片道”20塩基サイトの幅を持たせて左右両方向の同時シフトを網羅的に行っても、せいぜい500秒〜8分で終わる事を意味する。
しかも、これを Perl でなく C で書けば、更に早くなり、恐らく1分以内に終わるだろう。

[注：
2016年に掲載したMSA誤りに関する論文（Ezawa 2016a）で、（そこで使った分子系統樹の下では）4つのギャップ・ブロックまで考慮すれば、誤りの約80%以上はカバーできることは分かっていた。
]

これまで私は、この所要時間がどれくらいかかるかが良く分からなかった為に、
「ANEX が本当に実用的な方法になり得るか？」に確信が持てず、
私は人々を「ダマしたく」（あるいは「詐欺」になりたく）なかったが為に、
それが助成金の申請やクラウドファンディング等での資金集めに二の足を踏んだ一因となっていた。
しかしながら、

**このサブルーチンのテストの結果、初めて、
私は（実用的なプログラムとしての）ANEX の成功に確信を持った！！**

[
しかしながら、もう時間が残りわずかになってしまった為、資金集めはせずに、
自らの貯金を切り崩しながら研究開発を続けることにした。
]

それからは、他の基本的動きを実現するアルゴリズムも次々とサブルーチンに実装&テストし、

最後に、逆CIIの実装&テストは2019/09/30に終わり、
更に追加して一つの複合的動き（ssplit + vmerge）の実装&テストを終えたのは2019/10/16だった。

これらは続々と ANEX の主要スクリプトの一つ、“anex_for_sgl_wd.ver0.5.pl”、に組み込まれ、
このスクリプトが（テストはまだだが）一応「完成」したのは2019/10/19だった。

[
この時点で、（テストはまだだが）ANEXは一応プログラムパッケージとしての必要要素はほぼそろえた（ver 0.5）。
]

[
ここで、一つ**生活面での問題**があった：
（更新期限が迫った）**アパートを引き払う**必要があったのだ。

アパートの賃貸契約は、2017/11/07 から2年間で、それ以上住みたければ更新することになっていた。
本当は、私は2年もあれば余裕でANEX を完成でき、契約期間を余して賃貸を終了できる、と想定していた。
しかしながら、（上記のように）数々の妨害に遭った為に、2年以内に完成できなくなってしまったのだ！
資金的には、（生活の切り詰め方に依存するが）あと半年から1年は保つだけの蓄えはあった。
しかしながら、私は、ANEX が完成した暁にはこの世を去る、と決めていたので、
これ以上このアパートに住み続けると、このアパートが「**訳あり物件**」になってしまうのを心配した。
そこで、更新期限前にアパートを引き払うことに決めていた。

また、父からは、彼が勝手に私の名義で取得した土地と家屋（一階建て）に住むように再三勧められたが、
こちらも「**訳あり物件**」にしない為に、指一本触れないことに決めていた。
（そうすれば、貸家として（私ではなく実家の）ちょっとした収入源にもなり得る。）

そこで、また（時間空間的に）窮屈な生活に戻るようになってしまうが、**実家に再び戻る**ことになった。
[
ただし、（前回と同様、）生計は独立で、家事等も自分のことは自分でやる。

]

引っ越しは、2019/10/24 に、業者による主な家財・荷物の移動（アパートから搬出＞実家に搬入）を行い、翌2019/10/25 に、管理会社による立会いがあった。その前約2週間で、アパートの掃除や家財・荷物の梱包などの準備を行い（換気扇 x3 の掃除が結構大変だった）、その後約2週間で、実家での家財・荷物の開梱や居室の整理・模様替え等を行った。

[

尚、後で管理会社の方から伺ったのだが、このアパートでは、退去後は（住人の掃除の有無、程度に関わらず）清掃会社が入り、**一律の清掃費**を支払うことになっているそうだった。、、、それもっと早く教えてよ！

]

また、実家の方では、今回は父の計らいにより、（二階の）私の居室に加え、（物置同然になっていた）中二階の部屋も自由に使って良いことになった。この模様替えや、防犯や断熱等の「装備」に更に2～3週間かかった。

]

これら「引っ越し関連作業」をほぼ全て終えて、**研究を再び再開**した時には、12月がすぐそこまで来ている。（2019/11/21）

ANEX 自身は、プログラムパッケージとしての体裁を一応整えつつあったが、この研究プロジェクトを盤石なものにするには、実は「**もう1ピース**」必要だった。

ANEX の柱の一つは、「入力 MSA の『近傍』の探索による、お手軽な MSA 確率分布の作成」であり、これは既に実装し、テストの結果も上々であったが、**もう一つ、どうしても実現すべき柱が**、「現実的な挿入／欠失による真の (genuine) 配列進化モデルの下での正確な MSA 出現確率の計算」であった。

先行研究（前述の Holmes and Bruno. 2001）により、（祖先配列状態が与えられた）MSA 出現確率は、最後の共通祖先配列の出現確率（あるいは事前確率）と、各枝上の祖先＝子孫 PWA（配列対並び）の出現確率の積で表現される、事は既に示されている。

そして、私は、先の論文（Ezawa 2016b）で、進化モデルが**ある条件**を満たせば、（真の配列進化モデルの下での）祖先＝子孫 PWA 出現確率の挿入／欠失成分は、ある（祖先配列に依存する）因子と各ギャップあり区間（gapped segment）からの寄与との積で表現できる、ことを示した。（これは前述の Mikl¹[²], Lunter and Holmes. 2004 の結果の一般化である。）

また、もう一つの論文（Ezawa 2016c）では、ギャップあり区間は4つのケースに分類でき、そのうちの3つのケース（ギャップなしカラム（列）の対の間に、(i) 何もない場合、(ii) 祖先（塩基、アミノ酸）残基しかない場合、(iii) 子孫残基しかない場合）に対して、**実質的に正確な**（区間からの）寄与を与える数値計算アルゴリズム（の対）を考案して実装した。

従って、この、正確な PWA 出現確率（ひいては正確な MSA 出現確率）の計算という「パズル」の、「最後の1ピース」として残ったのが、

ケース (iv)、つまり、ギャップなしカラムの対の間に祖先残基と（それに非相同な）子孫残基の両方がある場合、の**（実質的に）正確な**（区間からの）寄与の計算であった。

これは当然、問題意識としては、Ezawa 2016c、むしろその前身である bioRxiv 論文（2015年）、を執筆している頃からずっとあり、たびたび（例えばウォーキングしている間などに）頭の中でぼんやり考えてはいたのだが、なかなかうまいアイデアがパツと思いつかなかった。（しかしながら、「材料」は少しずつ集まった。）

今回、（2019/11/21 から）**研究を再開**するにあたり、この「**最後の1ピース**」に関して、少し腰を落ち着けて考えてみることにした。

（以前に考えた十前後の案に加えて）2、3個ほど新たな方法を考案してみたのだが、それぞれ該当する挿入／欠失の歴史からの寄与の数え過ぎがあったり、逆に数えたりなかったりと、どうも具合が良くなかった。

しかし、ある日（2019/12/09 辺り）、

挿入／欠失の歴史を、

（ギャップあり区間を与える）配列を祖先残基の塊と子孫残基の塊のパターンをみなして、その祖先／子孫パターンの時間発展パターンを用いて分類し（例えば、Ezawa 2020a の図 5、10、12）、それぞれの時間発展パターンからの寄与の計算を、

（Ezawa 2016b で定式化した摂動論的手法を変形した）「新しい摂動論的手法」を用いて

計算すれば（例えば、Ezawa 2020a の図 7、8、11、13、14、15）、

（摂動の次数を上げていくことにより）ケース (iv) の寄与が、欲しいだけの精度で、体系的に計算できるのではないか？

とひらめいた。

一旦（正しい考えが）ひらめくと、あとは具体的な定式化はそれ程難しいものではない。

2019/12/16 から、LaTeX を使って、定式化を数式と説明文によって記録を始め、

2020/03/03 に定式化が終了した。

（時間がかかったのは、主に、定式化と Perl スクリプトへの実装をほぼ同時に進めたからである。

実際、実装は 2020/01/23 に開始し、2020/03/02 に終了した。（実装はテストをしながら慎重に進められた。）

それ以外で時間消費したのは、複雑な式のタイプセッティングと図の作成あたりであろう。）

新たな摂動論的手法を実装した Perl スクリプトのパッケージは、

LASTPIECE (local alignment-state probability that insertion-type and deletion-type gaps co-exist)、

と名付けられた。（Ezawa 2020a で記述）

最後に、真の（genuine）配列進化シミュレータ、Dawg (Cartwright 2005. Bioinformatics. 21:iii31-iii38)、を用いて、大量の（架空の）祖先＝子孫 PWA を生成し、LASTPIECE の実証解析を行った。

[

LASTPIECE での計算：2019/03/06-18;

シミュレーションおよびケース (iv) 区間の勘定：2019/04/07-13；

比較解析：2019/06/13。

]

新しい摂動の3次の寄与まで計算して組み入れると、ギャップの長さが切断長である100に近い場合でも、

LASTPIECE で予言された頻度はシミュレーションで観測された頻度の8割から5割以上と、

かなり正確に見積もった（Ezawa 2020a の表 1、2、3）。

[

これに対し、以前（Ezawa 2016c）に開発した方法で計算した、

挿入／欠失が計3つまで含まれる歴史すべての寄与の和で与えられる見積もりは、

LASTPIECE のその 1/10 から 1/1000 しかない。

]

これにより、この「新しい摂動論的手法」（LASTPIECE）の正しさ、有用性を実証できた。

（今のバージョン（ver 0.3）は非常に遅いが、C で書き直し、

さらには平行（もしくは分散）コンピューティングを組み入れれば、恐らく 1000 倍近くは早くなるであろう。）

[

なお、この LASTPIECE の最終出力である（ケース (i), (ii), (iii) そして (iv) の）ギャップあり区間からの寄与の表は、

そのまま ANEX の入力ファイルの一部として使えるようになっている。

LASTPIECE の最終出力を用いることにより、ANEX によって計算された各代替 MSA の出現確率（の挿入／欠失成分）は、単なる挿入／欠失の最節約的な歴史の寄与の総和から、

（最節約的な祖先配列状態と無撞着（consistent）な）すべての挿入／欠失の歴史の寄与の総和へと「格上げ」され、その正確さは格段に向上することとなる。

]

この LASTPIECE の開発は年度をまたいで行われた。

本当は、年度内にすべてを終わらせかけたのであるが、

この LASTPIECE の完成のおかげで、私の ANEX 開発プロジェクトは盤石のものとなったのだから、

これは「うれしい誤算」という事で納得することにした。

[
令和1年度内で全てを終わらせ（て人生を「卒業」す）るつもりでいた私は、令和2年度始め、
それができなかったことを家族に詫び、ここで初めて（期日付きで）、
「7月末日までに（論文執筆を含む）研究活動をすべて終わらせて、辞める」ことを約束した。
（あと残っていたのは、ANEX の「仕上げ」および「テスト&デバッグング」、
そして論文4本および総説／解説書2本ほどの執筆である。）、、、今思い返すと少々無謀だったかも知れない。
]

まず取りかかったのが、**ANEX の「仕上げ」**である。

既に、近傍探索および大体 MSA 出現確率の計算等、
このプログラムパッケージの主要部分は（テストを除いて）一応出来上がっていた。

しかしながら、使い勝手を良くするために、幾つかの補助的機能を備えておきたかった。

*特に大事だったのが、
網羅的に実行された複数ギャップ・ブロックの（独立な）同時「水平シフト」の結果できた代替 MSAs の一群
の間での**最大出現確率**をみつけるサブルーチンと、
そのような代替 MSAs の一群の**出現確率の総和**を計算するサブルーチンである。

[
これらは 2020/04/13 に書き始め、何回かテストと修正を重ねて 2020/04/19 に完成し、
2020/04/20-22 に主要プログラム群に組み込まれた。
]

これらの完成により、各ウィンドウ解析において、「**近傍探索**」の**結果の一覧表 (synopsis)**を出力することが可能となった。

*同じくらい大事だったのが、
LASTPIECE の出力のうち、ケース (i) 区間からの寄与も有効利用できるようにしたことである。

[
それ以前は、ケース (ii), (iii), (iv) 区間からの寄与のみ入力していた。
挿入／欠失の最節約的歴史だけを考慮していた頃にはそれで良かったが、
（最節約的祖先状態に無撞着な）すべての挿入／欠失の歴史を考慮する為には、
ケース (i) 区間からの寄与も含めねばならない。
]

[
これには、主要プログラムおよび複数のサブルーチンの書き直しを要するが、
（テストも含め）2020/04/23 から 2020/05/04 まで行われた。
]

この後、ANEX は ver 0.5 から ver 0.7 に更新した。

*もう一つ、**使用者（読者）への解りやすさ**を向上させるべく導入したのが、
副次的 Perl スクリプト、**"coordinate_point_lcl_msa.ver0.7.pl"**、である
（Ezawa 2020b の小々節 2.7.2 にも記述）。
ANEX は、データ記憶装置のスペースを節約するために、同時「水平シフト」の結果できた代替 MSAs は一々出力しない。
その代わり、同時「水平シフト」の「原点」に当たる入力 MSA および、
「水平シフト」以外の基本的動きで生じた代替 MSAs のある情報を出力する。

この、**"coordinate_point_lcl_msa.ver0.7.pl"** は、それら「原点」に関する情報と座標ベクトルを入力すると、
それがどのような代替 MSA に対応するのか、教えてくれる数個のファイルを出力する。

[
このスクリプトは、2020/06/04-06 に書かれてテストされた。
]

*残りの補助的機能のほとんどは、（復元された）MSA の誤りの、（塩基／アミノ酸）残基レベルでの特徴付け
に関するものである。（Ezawa 2020c に記述。）

以前（Ezawa 2016a）、我々はその目的で「位置シフト写像」（position-shift map）を提案した。

それは、真の (true) MSA と

復元 MSA との間での各残基の位置のズレ（＝位置シフト）を（真の、あるいは復元）MSA 上に写像したものであるが、
真の MSA がわからないと作成できない。

今回、その代用品とすることを目論んで考案したのが、
「**置換的残基差写像**」(substitutional residue-difference map, **SRD Map**)である。
これは、祖先配列も含めるように拡張した「拡張 MSA」上で、
最尤法の刈り込み(pruning) アルゴリズム (Felsenstein 1981. JME 17:368-376)
を拡張したアルゴリズムを利用して、
MSA の各カラム (列) 上で各枝の両端の残基が置換によって違っているか否かの期待値 (SRD) を計算し、
写像したものである。

非常に素朴な期待としては、この SRD Map が、
位置シフト写像から派生した「**配列並び剪断写像**」(alignment-shear map, **AS Map**)
(=拡張MSA 上に、復元 MSA 中にみられる
「剪断 (せんだん)」(ある枝を挟んで (真の) 相同残基同士がズレていること) を写像したもの)
をよく近似するのではないと思われる。(これら写像の例は、Ezawa 2020c の図 2 を参照。)

そこで、復元 MSA から SRD Map を構築する Perl スクリプト、
復元 MSA と真の MSA の対から AS Map を構築する Perl スクリプト、
また、上記の素朴な期待を検証するために、
復元 MSA (からの拡張 MSA) 中の **SRD と AS との相関**を調べる Perl スクリプト、
等を作成し、実際に「検証解析」を行った。(結果は Ezawa 2020c に記述。)
[
これらスクリプトは、関わっているアルゴリズムの改良を伴いながら、
2020/03/03 — 2020/03/23 に作成されテストされた；
「検証解析」は、(それ用のスクリプトを作成&テストしながら) 2020/03/24 — 2020/04/06 に実施された。
]

そして、("coordinate_point_lcl_msa.ver0.7.pl" 以外の) これら補助的機能を開発 (& 配備) した後に、
いよいよ、主要マスタープログラム ("anex.ver0.7.pl") を幾つかの入力 MSA に適用し、
主要プログラム群のテスト&デバッグ&検証を行なった。

[
テスト用に手書きで作成した MSA への適用&テスト&デバッグ：2020/05/05 — 2020/05/20；
(Dawg による) シミュレーションで生成した
MSAs 数個への適用&テスト&デバッグ&検証：2020/05/21 — 2020/06/04。
]

デバッグにかなり時間を要したが、それは私の注意深い性格の故であり、
これで恐らくほとんどのバグは除かれた筈である。
また、検証解析の結果は予想以上に良かった；これによって、ANEX 実用化への目処は立った。

こうして、**ANEX が本当の意味で『完成』したのは、2020/06/06 だった。**

、、、この時点で、私は非常に焦っていた。
予定では、4 月中に ANEX を『完成』させる筈だったのが、1 ヶ月半近く遅れてしまい、
(約束した) 「期日」の 7 月末まであと 2 ヶ月足らずとなっていた。

、、、さて、「期日」までに (論文&総説/解説書は) どこまでできることやら、、、。

[論文執筆 (2020/06/07 — 2020/07/31)]

さすがに「もう時間がない」と悟っていた私は、論文執筆に際して、
詳細部分はあまりこだわらず、とにかく「骨格」「枠組み」をしっかりとらせる事だけに集中することにした。

当時、私が執筆しようとしていた論文は以下の 4 本であった：

- A. 「新しい摂動論的手法」と LASTPIECE の記述 (数学的記述とアルゴリズム&検証) ；
- B. ANEX 主要部分に関する記述 (数学的記述とアルゴリズム&検証) ；
- C. SRD Map 等、(複合的誤り (complex errors) を含む)
復元 MSA の誤りを検出する方法 (数学的記述とアルゴリズム&検証) ；
- D. 頭の中で構想はあるが、

まだプログラム（またはサブルーチン）として実装していない手法の数々（数学&アルゴリズム）。

A & B & C が、これまで実際に研究開発してきた事に関する記述であり、
ここまで出来れば、一応私の「言いたい事」が主張できる様になっている。従って、「必須」である。

一方、**D** は、（そもそも厳密に言って「論文」と呼べるのか不明だが）
どちらかという「未来への提言（ヒント）」的なもので、必ずしも必須ではないが、
あれば間違いなく「後継者」達の更なる研究開発を容易にする。

また、総説／解説書は2本くらい書くことを想定していたが、
（相同配列解析の）専門家&学生向け、一般向け、物理学者向け
のうちどれかにするつもりだったが、
物理学者向けは是非書いて、物理学からのこの分野への参入を呼び込むつもりはあった。

まず、**A. 「新しい摂動論的手法」と LASTPIECE の記述**、から始めた。

これに関しては、既に LaTeX で文書化していたので1週間もあれば楽勝だと思っていたが、
世の中そんなに甘くはなく、論文が大体書き上がるのに2週間以上かかった。（2020/06/07 — 2020/06/24）
確かに、数式などのタイプセッティングは既に大体終わっていたが、
その後の検証解析の結果を示す表が、ちょっと複雑な形式のものが必要で、
あまり（LaTeX で）表の作成に慣れていなかった私はかなりの時間を費やしてしまった。
恐らくこれが「敗因」であろう。

（この結果できたのが、Ezawa 2020a である。）

、、、約束の「期限」まで、あと1ヶ月と6日！

次に、**B. ANEX 主要部分に関する記述**、に取りかかった。

これに関しては、膨大な文書（資料）を既に残してはいたが、
そのほとんどは MS Word 又は MS PowerPoint で書かれたもの（あるいはそれを PDF に「変換」したもの）であった。
（これは歴史上、UH 時代の受け入れ教官（総監督）が LaTeX ユーザではない事に起因していた。）
これらを元に、論文を執筆したところ、
2週間で終わらせなかったところが、まる一ヶ月もかかってしまった。（2020/06/25 — 2020/07/25）

資料の文章部分は、コピー&ペーストすればある程度済んだが、
それでも（たとえば特殊記号や特使文字、そして埋め込まれた数式等の）細かい修正は必要だった。
また、数式は一つ一つ、LaTeX で打ち直した。
これと、あちこちに散らばった資料をみつけるのに時間がかかり、
[
今思えば、一箇所に（コピーを）置いて管理を楽にすれば良かった、
]
更には、数個のアルゴリズム（の pseudo-codes）を記述するのに用いた
tabbing 環境に不慣れだったことも手伝って、
こんなに時間がかかってしまったのであった。
[
それに、資料が膨大だったのも一因である；結局、論文Bは150ページを超える「大作」となった。
]

（この結果できたのが、Ezawa 2020b である。）

、、、約束の「期限」まで、あと7日！

この時点で、私は総説／解説書および論文 D の執筆を完全に諦めた。
あとは、「論文C の執筆を、無事、終わらせられるか否か」である。

そして、

C. SRD Map 等、（複合的誤り（complex errors）を含む）復元 MSA の誤りを検出する方法、

の執筆に取りかかった。

この「材料」の状況は、B とほぼ同様で、MS Word 又は MS PowerPoint で書かれた資料が散在していた（ただし、量はBよりもかなり少なめだった）。

とにかく、

Bの執筆と同様なことをやっていたは、もはや「期限」には間に合わない。

そこで、私は「奥の手」を繰り出した：

検証実験の表をいちいち手で打ち込むのをやめて、

既にある表をPDF に「変換」し、図の環境の中に貼り付けたのだ！

[注：

もう雑誌に投稿するつもりがなかったからこそ、出来た芸当である。

]

更に、

アルゴリズムの記述も (tabbing 環境での) pseudo-code を使うのはやめて、

(enumerate あるいは itemize 環境での) (文の) 箇条書き、もしくは数式&文での記述、にした。

こうして、「**奇跡的**」にも、**論文Cは7日間で「完成」した！！** (2020/07/25 — 2020/07/31)

[

本当のことを言うと、2020/07/31 はほぼ徹夜で、2020/08/01 の朝までかかったのだが、

まあ、そこは目をつぶってもらおう。

]

(この結果できたのが、Ezawa 2020c である。)

そして、2020/08/01 の夕方、家族への「**最終報告**」を書いた。

そこで、

結局、期限内にやろうとしていたことがすべて終わらなかったことを報告&お詫びし、

しかしながら、

取り敢えず論文3本は書き上がり、これだけあれば私の「言いたいこと」は主張できることを説明した。

そして、

(これも本当は「期限」内にやるつもりだったが)

プログラムパッケージ (ANEX & LASTPIECE) と論文3本の公開 (掲示) が出来なかったので、

それと、これまでのことの記録を残すために、2020/08/12 まで猶予をくれ、

とお願いした。

しかしながら、終わらなかったのも、その後、2回、5日刻みで締め切りを延ばしてもらった。

その結果、

取り敢えず、プログラムパッケージと論文の両方とも、

Bioinformatics.org の ANEX プロジェクト用の FTP 収納所 (repository) :

<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/>

の下に置いて公開した。 (2020/08/13 —)

[

プログラムパッケージは、それまで、README ファイルやマニュアル等の**説明書 (documentation)** を欠いていたが、

それらを急遽作成して、パッケージを一応「完成」させた。

]

[

ちなみに、公共のプレプリントサーバーである bioRxiv や ArXiv への掲示は当然検討したが、

bioRxiv では、何者かの仕業により、私のアカウントのメールアドレスを

かつての研究/教育機関用のものから私用 (G-mail) のアドレスに切り替えられなくなってしまった為、

掲示を諦めざるを得なかった。

また、ArXiv では、私用 (G-mail) のアドレスで掲示しようとする、(支持 (endorsement) 取り付けも含め)

いろいろ適格審査 (screening) がかって面倒なことになる様で、時間がかかりそうだったので、諦めた。

、、、こんなことなら、研究/教育機関用のアドレスがあるうちに手を打っておくべきだった。

]

しかし、**記録**の方は、10月に入っても未だ書き続けている。

、、、よっぽど、書かなくてはならないことが (当初の見積もりより) 多くある様だ。

[

特に、締め切りを2020/08/22 に延ばす際には、「これが正真正銘、最後のお願いだ」とまで言ってしまったから、
図らずも「嘘をついて」しまったことになる。
これは非常に申し訳なく、「恥の上塗り」になってしまったが、
この記録（および「裏付け」の証拠）だけはきちんと残しておかないと、
後にきっと家族、一族に「禍根」を残す事になるのは間違い無いので、止むを得ない。
（どちらにせよ、この「嘘をついた」お詫びも、（7月末日までに全てを終わらせられなかった事の責任と同様、）
腹をかさばくことで果たす所存だ。）
]

何はともあれ、曲がりなりにも、
2つのプログラムパッケージ（ANEX & LASTPIECE）と
それに関連する3つの論文（Ezawa 2020a,b,c）の完成&公開という形で、
この ANEX (alignment neighborhood explorer) 研究開発プロジェクトは終了した。

これにより、私が（2016年10月に）秩父に帰った時に掲げたスローガン、「画龍点睛」も果たされたこととなる。
秩父に帰った段階では、3つの理論的論文（Ezawa 2016a,b,c）が発表されただけで、
ANEX はいわば「絵に描いた龍」に過ぎなかった。
しかし、今やプログラムパッケージも（一応）完成し、「龍」に「眼」を描き入れることが出来た。
これから、この「龍」は動き出し、
やがてこの分野（相同配列解析&分子進化）の正しい方向への大変動を助けていくことであろう。

しかしながら、現時点ではまだ、
これは「隻眼の龍」の様なものである：現バージョンの ANEX はまだ簡単な配列並べにしか適用できない。
これがもっと適用範囲を広げ、「双眼の龍」となるには、
恐らくは機械学習や人工知能（artificial intelligence, **AI**）の助けを借りて、
もう一段階「進化」を遂げる必要があるだろう（Ezawa 2020b & 2020c の“Discussions”参照）。
残念ながら、私はそういった専門知識&技能を有していないので、
この「ハトン」を若くて優秀な（AIを含む）IT 関連の専門家達に渡そうと思う：

この「隻眼の龍」を「双眼の龍」にするのは、これを読んでいるあなたである！！（<<「オンエアバトル」かいな（^^;）

【 ANEX に込められた思い 】

この **ANEX 研究開発プロジェクトの成果&産物**
（6つの論文、Ezawa 2016a,b,c & 2020a,b,c、と2つのパッケージ、ANEX & LASTPIECE）
（以下、便宜上、略して単に「**ANEX**」と呼ぶ）には、**私の様々な思い**が込められている。以下、列挙する。

*ANEX は、この分野（相同配列解析&分子進化）の正しい方向への（発展の）、
ささやかながらも重大（significant）な一歩である：

今まで、統計的 MSA、あるいはもっと一般的に MSA 復元、の問題に、
（現実的な挿入／欠失を備えた）真の（genuine）配列進化モデルが適用されたことはなかった。
それはひとえに、様々な概念的&技術的困難が絡み合って、「**強固な砦**」のように立ちはだかっていたからである。
私はまず、その概念的困難に理論的に地道に取り組み（Ezawa 2016a,b,c）、
また、技術的困難には斬新なアイディアや手法で挑み（Ezawa 2020a,b,c）、
この「強固な砦」に「穴」を開けた！
この「穴」はまだ、蟻がかりうじて通れる程度の小さな穴かもしれないが、
そんな小さな穴でも「強固な砦」を崩すきっかけにはなる。
私は、後進が、この「穴」をきっかけにしてこの「強固な砦」を完全に崩してくれることを期待する：
、、、そこにはきっと素晴らしい「景色」が広がっていることであろう。

[
かつて、（仮称）GGINP を解雇される時、その総監督から
「大きな事をしたければ、誰も飛び込んでいないところに飛び込まなければダメだ！」
という趣旨の「教訓」を頂いた。
ANEX は、まさにこの「教訓」を実行したプロジェクトだとも言える：
私は、「（本当は非常に大事だけれど）誰も（怖気付いて）飛び込めないところ」に果敢に飛び込んだのだ！

]

*ANEX は、この分野（相同配列解析&分子進化）において、
長く待ち望まれながらも成されなかった、「王道中の王道」の研究である：

誰だって、本当は MSA の復元（とりわけ統計的 MSA）に
「真の（genuine）」配列進化モデルを用いた方が良いことは、頭の中では分かっている（筈だ）。
しかしながら、そこには数々の概念的&技術的困難があった為に、
ある者は途中でサジを投げ、またある者は初めから避け、
なんだかんだと屁理屈をこねて正当化しながら、この三十数年間、
（HMM等）従来から使われている手法を使って「お茶を濁して」来た。
そう言う意味で、この **ANEX** は、「統計的 MSA に真の（genuine）配列進化モデルを適用する」
と言う「**王道中の王道**」の研究を実行したに過ぎない。
そこには何の「（表面的な）面白み」も「（表面的な）独創性」も存在しない
[注：
ANEX の独創性は、（表面的な）問題設定ではなく、むしろ、（深遠な）問題解決法の中にある
]
が、「王道中の王道」であるが故に、それが（分野の今後の正しい発展に）必要不可欠であることは保証されている！！
そう言う意味で、ANEX は（そこら辺の研究者が「何か面白いことを考えてやってみました」と言う様な類の）
「諸子百家の研究の一つ」とは訳が違うのである。

[
これが今歓迎されてないとしたら、それは、ひょっとしたら、
それを成し遂げたのが「有名どころ」ではなく私の様な無名な「虫ケラ」だったからかも知れない。
、、、そんなしょうもない「体裁」に拘っている場合ではないのに、、、。
（それに、私の経歴を知っていれば、
私がこの「偉業」を成し遂げたとしても何らおかしくはないことが分かる筈だ。（次項目）
]

*ANEX は、私の約三十年に渡る研究人生の集大成である：

この ANEX には、
私が（1991年4月に）阪大大学院に進学してから（2020年7月に）プロジェクト終了までの約30年間
に身につけた、様々な精神&知識&技術が織り込まれている：

- + 素粒子論時代に身につけた、まず簡単な例を使って理解する姿勢&数理科学的なものの考え方や
（時間依存）摂動論の手法、
- + 名古屋大時代に身につけた、数値計算の知識&技術および生物（学）を尊重する気持ち、
- + 遺伝研 & UH 時代に身につけた、系統樹や MSA を扱うアルゴリズムの知識やプログラミングの技術、
- + （仮称）GGINP で学んだ、「誰も飛び込んでいないところに飛び込む」事の大切さ、
- + 総研大時代に回復した「理論家」としての自信、
およびこの時期にほぼ完成した、挿入／欠失の最節約的な歴史を列挙するアルゴリズム、
- + 九工大時代に思いついた、MSA 出現確率の「因数分解」可能な条件の一般的な導出、
- + 秩父時代に思いついた、複数ギャップブロックの同時シフトを網羅するアルゴリズムと
PWA のギャップあり区間の寄与（確率）をかなり正確に計算する手法、

等々、どれが欠けてもこの ANEX は完成しなかった。
それが、このプロジェクトが私の「**研究人生の集大成**」と言える所以である。
改めて、これらの精神&知識&技術を身につける際にお世話になった方々すべてに厚く御礼申し上げます。

*ANEX は、「虫ケラ」の意地である：

特に遺伝研に移って以降、「虫ケラ」の私は（生涯研究職を勝ち取った）「神々」からバカにされたり、
私やその理論研究（Ezawa 2016a,b,c）を「使い物にならない」等と陰口を叩かれたりする事が多かった。
[
その割には私には直接フィードバックをくれない。、、、「神々」は、実は、「人間のクズ」なのではなからうか？
]
しかし、「一寸の虫にも五分の魂」と言うように、

「虫ケラ」の私だって博士号を（実は2つも）持っているのだから、自分で設計した研究を実行出来る筈だ！
そう思い、「神々」からの数多くの妨害に遭いながらも、私は歯を食いしばってこのプロジェクトを続けた。
そして今、プロジェクトは完成し、
2つのプログラムパッケージ（ANEX & LASTPIECE）と3つの論文（Ezawa 2020a,b,c）を産み出した；
これら、プロジェクトの産物が、彼らの私や私の理論研究への陰口や「負の評価」に対する「反証」である！
、、、そう、私は、「虫ケラ」の意地を見せたのだ！！

[注：

「神々」と言う時、私は彼（女）らを崇拝している訳でもないし、「虫ケラ」と言う時、私は自分を卑下している訳でもない。
これらを使う時、私は彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている者たち）の「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！

]

[

彼ら「神々」の最大の誤算は、私の「真の実力」を見誤ったことであろう。
確かに私は生命情報学者（あるいは IT 専門家）としては三流以下の腕である。
しかし、それが正確に意味するところは、
「他人が開発したプログラムやライブラリに関する知識が狭く、
また、それら（特に複雑なもの）をインストールして利用するのが苦手である。」
（および「コンピュータシステムについての深遠な知識に欠ける（ので、修理、改造などは出来ない）」）
ということであって、
そもそも**数学（数理科学）的な背景**を持つ私は、
アルゴリズムは理解できるし、（時間さえかければ）自分でプログラムは書ける。
（ただ、他人が開発したライブラリ等を利用するのに比べると著しく遅くなってしまうだけである。）
それを、「神々」は恐らく、私の能力を単に表面的に判断して、「あいつは無能だ（何も出来ない）」と決めつけ、
「このプロジェクトは遂行されない」と思ったのであろう。
（もう一つ、私の数学的論文（Ezawa 2016a,b,c）を本当の意味で理解しなかった為に、
その「真の実用性」を測り損ねた、というのも理由として考えられる。）

]

*ANEX は、**我が師、吉川圭二博士との、「約束」**の遂行である。

私が素粒子論を去ると報告した時、阪大時代の私の恩師、**吉川圭二博士**は大変残念がられ、
「江澤君が生物の方面で活躍することを、せめてもの楽しみにしている」
と（メールで）仰られ、私は活躍を誓った。
残念ながら、私の実力不足のせいもあって、（恐らく）吉川博士が思い描かれた様な活躍は出来なかったが、
この ANEX の完成を以て、彼との「約束」も少しは果たせたかな、と思っている。
彼がこれについてどう思っているかは、
これから地獄に向かう前に（閻魔様をお願いして）彼に少しでも会わせてもらって、伺うことにしよう。

*ANEX は、**素粒子論関係者達**に対する、私のせめてもの「償い」である。

素粒子論を黙って去った私は、素粒子論関係者から見れば、「裏切り者」である。
私はそのことを弁解するつもりは一切ないし、
彼（女）らからの誹（そし）りはすべて甘んじて受け入れる覚悟である。（ただし、「去った」理由は上で述べた。）
ただ、心の底では常に、どうにかして「償い」が出来ないか？と考えていた。
そして、ANEX が完成した今、私は、**ANEX 自身が「償い」となりうるのではないか？**と考えている。

まず、この ANEX の「完成」により、この分野（相同配列解析&分子進化）への物理学者の参入が容易になった。
ANEX（および LASTPIECE）では、時間依存摂動論のテクニックがふんだんに使われているので、
（元）素粒子論屋には取っ付き易い筈である。
それに、「完成」とは言うものの、まだまだその用途を拡大する為には様々な改良が必要である；
（元）素粒子論屋の「活躍の場」は幾らでもあるのだ。

[

とりわけ、遺伝子重複や逆位などの**ゲノム再編成**を取り入れて、
ゲノム配列並べにも応用可能な「**拡張版 ANEX（仮称）**」の開発には、
（元）素粒子論屋の活躍が不可欠となるかも知れない。
（「出発点」としては、Ezawa, Graur, Landan 2015 を参照。）

]

それだけでなく、私が ANEX を完成させたことにより、
(元)素粒子論屋の実力(もしくは潜在力)への評価が社会全体で上がることも期待される。
そうすれば、ANEX 関連研究のみならず、様々な方面での活躍の場が広がるであろう。
(若干、楽観的過ぎるかも知れないが、、、。)

これらが少しでも私の彼(女)らへの「裏切り」の「償い」になれば幸いである。

*ANEX は、お世話になった人々への、私からの**感謝の気持ち**である。

私は生まれてから今まで、様々な方々のお世話になった。

家族、親類はもちろんとして、近所のおじさんおばさん達、
幼稚園&小中高等学校の時の先生方や先輩同輩後輩達、
大阪大学(大阪大:教養、学部、大学院)での先生方や先輩同輩後輩達、
阪大合気道部の部員達やOB.OG達をはじめ合気道の指導員の先生型や生徒の方々、
基礎物理学研究所そして名古屋大学大学院での先生方や同僚をはじめとする皆様方、
京都および名古屋における居合道の先生方や生徒の方々、
ヒューストンの Cougar Aikido の仲間達、
赤井塾や名古屋大生協北部食堂をはじめアルバイト先の皆様方、
二度に渡る分野転向(素粒子論>理論生物物理学>分子進化学/進化遺伝学/集団遺伝学)に際しお世話になった方々、
度重なる引っ越し(秩父(実家)>川西>池田>京都>名古屋>三島>ヒューストン>横須賀
>飯塚1>飯塚2>秩父(実家)>秩父(アパート)>秩父(実家))
の際に、および引っ越し先で、お世話になった方々。
遺伝研、University of Houston、総研大葉山、そして九州工業大学での先生方や同僚をはじめとする皆様方、
等、挙げればきりが無い。

この場を借りて、心より感謝する。

もう残りわずかとなった時間で、また、貯金もほとんど切り崩してあと僅かとなった今となれば、
どうやってこれらの方々のご恩に報いればいいのか分からないが、
少なくとも、**「これらの方々のおかげで、こうして ANEX が完成したのだ！」**と知ってもらえれば、
幾ばくかの慰めになるのではないかと(なって欲しい)、と願うばかりである。

*ANEX は、**私の「人生の卒業証書」**である。

既に述べた様に、ANEX は、私の約三十年に渡る研究人生の集大成である。
しかしながら、その研究人生も、幼稚園から身につけた様々な知識や技術や能力の土台があって初めて営む事ができた。
そう考えると、ANEX は、**私の全人生の「血と涙と汗の結晶」**と捉えることもできる。
しかも、その主要な成果は、
私が「残りの人生と引き換えに」確保した(2016年10月以降の)約4年間に集中して成し遂げられた。
そして、このプロジェクトを終えた今、
私はもう「ヌケガラ」同然で何も残っておらず、これから(身辺整理が済んだら)(人生を)「卒業」するつもりである。

その意味で、この、ANEX 研究開発プロジェクトの成果は、**私の「人生の卒業証書」 (&その補足資料)**と見なされる。

皆さんも、もし良かったら一度、ご覧になって頂けたら幸いである。

[
ちなみに、ANEX の成果はすべて、
Bioinformatics.org の ANEX 用の FTP 貯蔵庫 (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/>) において、
クリエイティブ・コモンズ 4.0 表示国際ライセンス、あるいは GNU 公共ライセンス、の下で、
すべて無料(オープンソース)で入手可能である。
]

ちなみに、私は**3つの論文(Ezawa 2020a,b,c)**は、**学術雑誌に投稿しないことに決めた。**

今は、かつて非常に苦労して雑誌掲載した2つの論文(Ezawa 2016b,c)
の時以上に「**四面楚歌**」であることを肌で感じているし、
どこかの雑誌に投稿したところで、「敵方」が配備した「刺客」の手により reject される

（あるいは雑誌社により掲載が著しく遅れる or 永遠に掲載されない or 内容をメチャクチャにされる）
のが関の山であるくらいアホでも分かる。

[
大体、（完全に「公正」かつ「客観的」な「基準」ではなくて）
こういう（編集者／査読者の「気分」次第で評価が変わってしまうという）「**二重基準**」が存在すること自体、
この分野（業界？）の腐敗ぶりが窺える。
]

それに、上述の Nature に掲載された一つの論文の例からも分かる様に、（少なくともこの分野では）
雑誌掲載されることは決してその論文の「品質保証」になっていないのが現状である。

[
これはひとえに査読を務める研究者の問題である。
とりわけ、この分野では、数学が本当の意味でできる（つまり、自分が専門としている対象以外でも扱える）、
かつ、問題の（表面に囚われずに）本質を見極められる、そんな研究者が極めて少ないという印象がある。
（あくまで私見だが、、、。）
]

だから、**本当に大事なのは、**

1、（ANEX 研究開発）プロジェクトが「終了」し、
その成果（2つのプログラムパッケージと3つの論文）が公に（オープンソースとして）入手可能であるということ。

[
私は、科学者たるもの、その**研究成果は直ちに世界中の人々と共有すべきだ**と考えている；
それが、科学の健全な発展を保証するのだ！
]

2、論文では、プログラムの原理&手法と検証解析の結果が文書（&式、図、表）として記述されていること。

[
これで「**再現性**」を保証する。
]

**3、検証解析の詳細な結果やその際に用いたプログラム（Perl スクリプト）も、
補足資料として（やはり無料で）入手可能であること。**

[
これにより、検証解析の「**追試**」および**精査**が可能となる。
]

である。

既に、これらはすべて、FTP 貯蔵庫 (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/>) において、
オープンソースとして公開した。

それが有用かどうかの評価は、最終的には読者（あるいは使用者）の判断に委ねられる事となる。

[
掲載された雑誌名など、しょーもない「ブランド」に拘（こだわ）っていたって仕方がない；
そんな「ブランド」に頼っている、という時点で、既にそれは（自らの成果に）「**自信がない**」証拠である。
]

[
そして、私は、これら（ANEX プロジェクトの成果）が、
（少なくともこの分野の将来の発展にとっては）非常に有用であることに**絶対の自信**がある！
]

あとはもう、これ以上は、私の力ではどうしようもない。

これから地獄に行って、この先の行方がどうなるか、見届けることとする。

（終わり）

[[参考文献]]

Ezawa, K. 2016a. "Characterization of multiple sequence alignment errors using complete-likelihood score and position-shift map." BMC Bioinformatics. 17:133 (DOI: 10.1186/s12859-016-0945-5)

Ezawa, K. 2016b. "General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: are alignment probabilities factorable?" BMC Bioinformatics. 17:304. (DOI: 10.1186/s12859-016-1105-7)

Ezawa, K. 2016c. "General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: local alignment probability computation." BMC Bioinformatics. 17:397. (DOI: 10.1186/s12859-016-1167-6)

Ezawa, K. 2020a. "New perturbation method to compute probabilities of mutually adjoining insertion-type and deletion-type gaps in ancestor-descendant pairwise sequence alignment under genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions: the 'last piece of the puzzle'." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

Ezawa, K. 2020b. "Alingment Neighborhood EXplorer (ANEX): First attempt to apply genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions to Multiple Sequence Alignment reconstruction problem." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00006.anex.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

Ezawa, K. 2020c. "Substitutional Residue-Difference Map (SRD Map) to help locate mis-alignments in Multiple Sequence Alignment (MSA): toward Artificial-Intelligence-assisted probability distribution of alternative MSAs." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

Ezawa, K, Graur, D, Landan, G. 2015. "Perturbative formulation of general continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions, Part IV: Incorporation of substitutions and other mutations." unpublished; preprint available at bioRxiv (doi:10.1101/023622).

Ezawa, K, Yada, T. 2017. Oral presentation 4AT27-01 at ConBio2017, at Kobe, Japan; canceled due to the presenter's illness; presentation file (ConBio2017_4AT27-01_by_Ezawa&Yada_note_CC4.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Presentations/>).

[和訳 :

神戸で開催された ConBio2017 での口頭発表 4AT27-01 (発表者の病気のため取りやめ) ;
発表資料 (和が主、英が副) (ConBio2017_4AT27-01_by_Ezawa&Yada_note_CC4.pdf) は
(<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Presentations/>) で入手可能。

]

3、まとめと論考

以上が、私、「負け組科学者」、の人生である。

以下、手短に要約すると、、、

[

注：私は本来、「勝ち」「負け」や「成功」「失敗」という二元論が嫌いで、私自身それをあまり意識せずに生きて来た訳なので、本当は使いたくないのだが、読者に解りやすくする為に、ここでは敢えて使わせて頂く。

]

子供の頃、自然に囲まれ、科学への興味を膨らませながら育った私は、
中学高校の頃に「**数理科学的能力**」を芽生えさせ始め、
阪大四年間の訓練でその能力を遺憾無く鍛え上げられ、
阪大院および基研での素粒子論の実践においてさらにその能力を高めながら、
論文15本を発表する等、そこそこ業績も上げて、
「成功への階段」を順調に昇っているかの様であった。

しかし、そこから突如、生物物理へと転向してから、
「人生の下り坂」を転がり落ち始めた。
(そもそも実験が苦手な為、理論でやるしかない私が、)
生命科学でやっていくには**コンピュータのスキル&知識**が必須なのだが、
それがなかなか身につかなかったせいである。

名大院での修士論文の結果で指導教官と険悪な仲になった私は、
遺伝研に移って受け入れ教官の指導の下、
ゲノム解析および分子進化学の研究(の訓練)を始めたが、
やがて、(複数の)上司から、
自分の(コンピュータ操作)能力をはるかに超える量の仕事(業務)を(暗黙に)要求される様になり、
過労と睡眠不足で心身が消耗し、余計に仕事が進まなくなる、という「悪循環」に陥った。
(その結果、一つの仕事(GNP)を解雇された。)

この時の(心身への、そして、仕事の「負債」としての)「**負荷**」が、
その後、University of Houston (UH)、総研大葉山、そして九工大と移った際にも
のしかかり、(コンピュータスキルもさほど向上せず、)
なかなか思う様に成果が残せなかった。

しかしながら、総研大葉山の時から再びフルに発揮させ始めた
「数理科学的能力」により、それでも(集団遺伝学関係の)三本の論文を発表できたが、
時既に遅し、
すでに年も重ね、心身的な不調を再び感じ始めた私は、
「生涯研究職」への道を完全に諦め、
「最後の研究」をする為に、九工大に向かう。
それは、この「最後の研究」は**新しい MSA の手法**(後に「ANEX」と名付けられる)
の研究開発なのだが、その助けになりそうな先生がこの度九工大に赴任することになったからだ。

しかしながら、期待に反して、その先生からの助けはほとんどなく、
仕方なく一人で研究開発することになったが、
そこで次から次へと私の研究を妨害する様な出来事が起こる。
それらに対処している間に、あっという間に三年半が経ち、
どうにか理論関係の論文三本を発表できたものの、
ANEX の開発半ばで、九工大の(非正規)職員を退職することとなった。

そして、**ANEX の開発の残りは、実家のある秩父でやることとなった。**
(1日も早く終わらす為に、私は敢えて、「無職」として研究を続けることに決めていた。
そこでは誰の助けも借りない；生活費はすべて自分の貯金を切り崩して賄い、
雇用保険、失業保険、公的扶助、年金等には一切頼らないと決めていた。)
そして、もう一つ、私は決めていた、
(い) ANEX が完成したあかつきには、あるいは
(ろ) ANEX の完成は無理と悟ったら、もしくは

(は) その前に資金が尽きたら、
命を絶つ、ということ。

いわば、私は **ANEX の完成に、私の人生の残り全てを「捧げた」のである。**

(これは、それまで私が「先が長くない」と思ってぞんざいに扱ってしまった人々への償いでもあるし、私の「誠(まこと)」を貫くためでもある。)

しかし、私のそんな「決死」の思いに関わらず、

その後も研究開発を妨害する様な出来事は起こり続けた。

そして、秩父に帰って二年が経とうと言う時、九工大時の先生の動向を怪しんだ私は、
彼を色々問い詰めた結果、「泣いて馬鹿を斬る」思いで、彼との縁を絶った。

その後は、妨害する様な出来事がめっきり減り、

(構想から五年後で、) ようやく **ANEX** の研究開発は軌道に乗り始め、
2020年6月に (テスト&デバッグを済ませて) **ANEX は一応完成し、**
2020年7月末日までに、**ANEX プロジェクト関連の論文三本を書き上げ、**
2020年8月13日には、Bioinformatics.org の (ANEX 用) FTP 貯蔵庫で
オープンソースとして提供開始した。

[

しかしながら、これまでの数々の妨害のせいで、時間が足りなくなった為、

(a) 上記三本の論文の雑誌掲載、(b) もう一本「未来への」「論文」執筆、

そして (c) 総説もしくは解説書 (二本程度) の執筆、

を諦めざるを得なくなった。

]

(そして今、(本当は一週間で終える予定だったが) この記録を書き始めて既に二ヶ月が過ぎた。)

<> さて、**これらを振り返ってみて、「もっと良いやり方」がなかったか、考察してみよう。**

まず、誰もが「分野転向なんかしなければ良かったのに」と考えるであろう。

確かに、少なくとも机上では、

そのまま素粒子論に残っていれば、「成功への階段」を昇り続けられた、、かも知れない。

しかしながら、ここで忘れてはならないのが、「動機」あるいは「情熱」の有無である。

私はこの時、既に、素粒子論に対する「情熱」を(ほぼ)失っていた。

そして、「情熱」こそが研究活動の原動力であることを考えると、

仮にそのまま残り続けたとしても、もうまともな研究成果は望めなかった可能性が高い。

つまり、素粒子論を続けていたら、遅かれ早かれ研究者自体を止めることになっていたであろう。

[

研究者の中には、「情熱」がなくとも、研究を事務的にこなせる方もおられるかも知れない。

特に、確固とした知識&技能に基づいて研究を肅々と行えるタイプの人はそうかも知れない。

しかしながら、素粒子論の研究はどちらかというと、「アイディア勝負」なところがあり、

アイディアというものは、対象への「情熱」(あるいは「愛着」)がなければなかなか湧いてこない。

]

次に考えるのが、分野転向の際に、学生として再入学するのではなく、

(どこか他の研究室にでも) ポスドクとして雇ってはもらえなかったか? である。

これに関しては、その様に考える方々は結構多いかも知れないと思う一方で、

私の見解は否定的である。

当時、私は生物(学)に対して知識はほとんどなかった。

そのままポスドクとし雇われていたら、(生物学的に)何をやっているかわからないまま、

ただ私の「数理科学的な能力」を「搾取」されることになっただろうが、

「搾取」する側も私の能力を十分把握せずにする訳だから、それでは私は十分に能力を発揮できない。

(それに前段落の様に、「動機」「情熱」の問題も生じてくる。)

だから結局、大した成果も上げられぬままに終わってしまったのではないか、と思う。

むしろ、学生として再入学したからこそ、色々できる「自由度」が生じ、生物(学)について、

あるいは生物物理の他の研究について、広く学ぶことが出来たのだ。

また、(生物物理あるいは生命科学の中での) 細分野の選択であるが、

私は実験が全くダメであり、かつその当時はコンピュータをほとんど使えなかった事を考えると、
自ずと選択肢が限られてくる。

その限られた選択肢の中で、どこに行っても、

(もちろん、「運」「不運」の差はあったにせよ、「決定論」的要素としては)

然程の違いはなかったのではなからうか。

むしろ、あの名大の理論生物物理の研究室にいたからこそ、
生物（学）に対して（今の）物理学で出来る範囲、そしてその限界、
が見えてきたのではなからうか。

もう一つの選択肢として、
どうせ必要になると分かっていたのなら、
先ず、コンピュータに関する専門知識&技能を、例えばどこかの専門学校に通うなどして、
きちんと身につけておけば良かったのではないか？という意見もあり得る。
これに関しては、確かにあり得たかも知れない、とは今になってみれば思う。
ただし、そもそもやりたい生物（学）から離れたままで、「動機」を保ち続けられたかどうか？
という疑問はある。
それに、私がコンピュータが苦手なのは、恐らく、生来「非自然物」（つまり「人工物」）が苦手なこと
から生じているので、専門学校などに通ってもそれは克服できない可能性があるだけでなく、
「中途退学」してしまった可能性すらある。
そういう「失敗」の少なからざる可能性を認識した上で、これはあり得た選択肢だったと思う。
（つまり、「当たるも八卦、当たらぬも八卦」だ。）

別の問題として、遺伝研時代に複数の上司に仕えていた件についてだが、
これは、私というよりはむしろ「上」の方で勝手に話が決まったことであり、
私の一存ではどうにもならなかった事である。
しかし、仮に、私が（仮称）GGINPへの雇用を拒否していたら、
（その後知ったこの受け入れ教官の気質を考えると）それでも無理やり雇用契約を結ばされるか、
もしくは研究室を追いつき出されて行き場を失っていたであろう。
もう一つあり得た対応としては、雇用された後に受け入れ研究室から（仮称）GGINPに完全に移ってしまうことであるが、
それも恐らく受け入れ教官は許さなかっただろうし、
仮に「強行」したら、やはり（遅くともプロジェクト終了後には）行き場を失っていたであろう。
つまり、（私の与り知らぬところで）「神々」によって「虫ケラ」の私の「運命」は決まっていたのだ！
[注：
「神々」と言う時、私は彼（女）らを崇拜している訳でもないし、「虫ケラ」と言う時、私は自分を卑下している訳でもない。
これらを使う時、私は彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている者たち）の「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！
]

その他の問題は、ほとんど全て、コンピュータ関連の知識&技能の不足から生じている
[
ムチャぶりする上司に対して、「コンピュータが使えないから勘弁して下さい」とはなかなか言い難い。
（言えば恐らくクビになる、、、何故なら、（恐らく）コンピュータスキルも期待されて雇用されていたのだから。）
]
ので、そう言う意味でも前段落の選択肢を取っておいた方が良かったのかも知れないが、
当時は「れば」「たら」を言っても仕方がない状況だったし、
また、当時はまだ、「パワハラ」等に対する認識も低かったので、仮に提訴しても負けていたであろう。
従って、（阪大時代の師、吉川圭二博士との「誓い」があった以上、そこで辞める訳にはいかなかった私は）
（それにより、どんなに心身を消耗（or 破壊）したとしても）ただ、耐えるしかなかったのだ、と私は思う。

[
ちなみに、「生涯研究職」云々に関し、誤解なき様に言っておくと、
素粒子論の頃から、私はあまり「生涯研究職」には拘（こだわ）っていなかった。
むしろ、（素粒子論の頃から）研究に関する「アイディア不足」
（あるいは「才能不足」と言っても良い）を感じていた私は、（当初から）
何か一つ、「大きな」研究さえ達成出来れば、研究者を辞めて何か普通の職に就くつもりでいた。
（しかし、ずっと後になって、私の様な「変わった人間」は普通の職に就くのも難しそうだと感じる様になった。）
だから、「生涯研究職」はどちらかというと、「目的」達成の為の「手段」程度に思っていた。
（そして、その「手段」よりは（不安定な）「ヒラ研究者」を続けた方が、「目的」達成の近道だとも思っていた。）
しかしながら、実際には、
日本では「生涯研究職」はほぼPI (principal investigator, 主任研究員（つまり、**研究室の長**））と同等なので、
それに就くと、色々大変な業務（教育、研究室員の面倒、渉外、予算獲得、等々）をこなさないといけなくなり、
マルチタスク（および「人付き合い」）が苦手な私には無理！と言うことに気づき始めた。
それと、年齢的問題、そして心身の不調なども相まって、（2013年、九工大に移る前に）
それまで何となく避けてきた「生涯研究職」（の公募）を、きっぱりと諦めることに決めたのである。
（その結果、「（研究活動の）**タイムリミット**」の問題が露わになった。）

（ちなみに、その後、（知り合いの先生の強い薦めを断りきれず）（講師の）公募に一度だけ応募したが、（元上司たちの評判が悪い私が）通らないことはほぼ明らかだった。）

]

そして、**ANEX の研究開発の残りを秩父でやる**ことになったことについて、反論は多いだろう。

しかしながら、

まず、私は既に、「九工大が『最後の職場』」と決めていたので、

そこでの契約期限が来た以上、もう他の研究機関（研究室）に行くつもりは毛頭なかった。

また、「それなら契約期間をさらに延長してもらえば良かったのでは？」という意見に対しては、

既に、私は期間を二度延長してもらっており、もともと二年の契約だったのが三年半にまで延長されていた。

「さすがに三度は頼めない」と判断した私は、更に悪化する**体調不良**を実家で療養したいという思いもあり、

退職（もっと厳密に言うと、研究者としての「**現役引退**」）をすることに決めたのだ。

それに、

（妨害さえ入らなければ）ANEX の研究開発の残りも、あと一年前後、せいぜい二年で済むだろう、

（それなら実家でも何とかなる、）と考えていた。

（実際には、妨害がその後も二年の長きにわたって続いた為、秩父に戻ってから四年弱もかかってしまった。）

従って、**これらを総合するに、**

人生に於いて私が取って来た**選択肢**は、

一部（コンピュータスキル&知識の取得等に関し）別の選択の余地もあったものの、

それ以外では、恐らく（ほぼ）ベストな、あるいは他に取りようのなかった、ものであることが伺える。

結局、人間それぞれ得手もあれば不得手もあり、それら双方（およびその時の状況）を勘案すれば、
取れる選択肢も必然的に限られてくる、と言うことなのかも知れない。

<> 最後に、私の研究人生の最後の方（約十年弱の間）にしばしば起きた、

私の研究活動を妨害するような出来事の数々についてだが、

私に取っては、これらはただただ許しがたい出来事ではあるが、

「自業自得」と言う可能性もないとは限らないので、

以下、**私の側に「非」はなかったのか、検討してみよう。**

そもそも、「**誰が**」**妨害行為を行ったか？**については、

大きく分けて二つの可能性が考えられるので、それぞれについて検討する。

（どうも出版社も絡んでいる様だが、彼（女）らは恐らく「首謀者」に依頼／要請／脅迫されて
やっているに過ぎないので、ここでは除外し、「首謀者」の方に焦点を当てる。）

（い）「**HMM 学派**」（もしくはもっと一般に、**従来の MSA 手法の実践者達**）の仕業。

この場合、考えられる動機はただ一つ、「自らの『縄張り』を守る為」である。

[（背景：）

（特に標準）HMM（hidden Markov model、隠れマルコフモデル）は、

配列進化を不完全にしか記述できないにも関わらず、

そのコンピュータアルゴリズムへの応用し易さの為に、

今や配列並べや分子進化の諸問題に幅広く使用されている。

その為、「HMM 学派」の人々は、長い間「甘い汁」を吸ってきた。

しかし、私の MSA に関する諸研究は、

HMM に関する「不都合な真実」を暴き、

更には（最終的に）HMM に取って代わって「正しい手法」を広めよう、

というものなので、

もしも私の研究が広まり発展してしまうと、彼（女）らはもう「甘い汁」を吸えなくなってしまう。

（尚、従来の MSA 手法に関しても、多かれ少なかれ、似た様なことが言える。）

]

彼（女）らの、『縄張り』を守りたい、という気持ちは、私にもよく分かる。

『縄張り』を失えば、現在走っているプロジェクトに影響が出かねず、

雇った人々や取引先等、多くの人々の生活を台無しにしかねない。

だから、彼（女）らは、それを避けようと必死だったのかも知れない。（一般人ならば、同情する。）

しかしながら、**自然科学で最も大切なのは、「真実の追求」**であり、

自らの手法の「不都合な真実」を隠す為に、正しい手法の研究開発を妨害するなんてもってのほかである。

彼（女）らがやった妨害行為は、**（科学的）真実を捻じ曲げる行為**に他ならず、
例えば、
かつて（地動説を擁護した）**ガリレオ＝ガリレイ**に対して行われた**「宗教裁判」**
[これによって、当時の天文学の正しい発展は、著しく妨げられた]

あるいは、
（新たな天才）S. Chandrasekhar のブラックホールの理論を学会の聴衆の前でコケにして
天文物理学の進展を30年遅らせたとされる（古き天才）**Arthur Eddington** の愚行

にも匹敵する、**許されざる行為**である。

（ろ）**私の（元）上司（or（元）受け入れ教官）の仕業。**

こちらは、恐らくは、「私怨」か、もしくは、
（既に私（やその研究）に関する「負の評価」を広めた（元）上司が）自らの「信用」を失わない為に行ったか、
どちらかであろう。

後者の場合、妨害行動は一種の「私利私欲の追求」に過ぎない。
[
彼らの、自分の「信用」を失いたくない、と言う心情はよく理解できる。
もし、「信用」を失えば、自分だけでなく、その家族や雇った人々を路頭に迷わすことにもなりかねない。
そこで、思わず彼らはその様な行動に出てしまったのだろう。（一般人ならば、同情する。）
しかしながら、**「真実の追求」が至上命題**である自然科学においては、
こう言う場合に「信用」を保つもっとも有効な方法は、
直ちに自分の間違いを素直に認めて（関係各位に）謝罪することである筈だ。
そうせずに、自らの「人（あるいは研究）を見る目」のなさを棚に上げて、こういう妨害活動をやる様な輩に、
科学者や研究者を務める資格はない！
]
従って、責めは完全に先方側にある。

次に「私怨」の可能性を検討する。
これは要するに、私が過去に彼（ら）に行った行為のいずれかに恨みを抱いていたということである。
先ず、一つ言わせてもらおうと、
（仮にそうするとしても）「私ごと」の恨みは「私ごと」で返すべきであり、
この様に、科学の正しい発展（という「人類全体の問題」）に直接影響する様な、
「研究妨害」という手法を取るのは、断じてあってはならないことである。

その上で、過去、どんな恨みを買う様な行為があり得たか、考える。

(i) 先ず最初に思い当たるのは、私が（ある受け入れ教官が先方に私を薦めた）プロジェクトへの参加を断った事である。
これに関しては、
私はその前に何度か（数人以上が関わる）大中プロジェクトを台無しにしており、
「自分はそういった大中プロジェクトには関わらない方が良い」と判断したから断ったのである。
もし仮に、私が「素直に」参加していたら、
恐らくはそのプロジェクトは失敗に終わっていた事であろう。
つまり、私は、「参加を断った」ことにより、間接的に、そのプロジェクトを成功に導いたことになる。
そう考えると、私は、感謝されこそすれ、恨まれる様な筋合いは全くない筈である。
[
ただ、「断った」ことにより、その受け入れ教官の面目を潰してしまったことに関しては、深くお詫び申し上げる。
しかしながら、ここでも、もし私が「素直に」参加して、プロジェクトを台無しにしていたら、
彼の面目はそれ以上に潰れていたであろう事を、考慮して頂きたい。
]
]

(ii) 次に、（私が九工大にいた頃、）
何度か、私が昔属していた研究室の（元）後輩や（元）同僚の研究の指導もしくは手伝いを
する様に頼まれた事があった。
（どちらのケースも、私は途中までは面倒をみたが、あとは「自分の研究に集中させてくれ」と言って離れた。）
どちらも、最後まで面倒を見切れなかったことは、非常に申し訳なかったと思う。
しかしながら、
これらは、そもそもこちらが、「もう残り少ない、限られた時間」を、
ANEX の研究開発だけに集中しようという矢先に、入ってきた依頼であり、

本来ならば、
「門前払い」もあり得たところを、途中までとは言え、面倒をみてやったのだから、むしろ感謝されるべきであって、恨まれる筋合いのものではない。
[
一応断っておくが、
私は「マルチタスク」が非常に苦手で、
「自分の仕事を進めながら、他人の面倒を見る」なんて器用な真似はできない。
従って、「他人の面倒をみる」為には、自分の仕事は完全に中断しなければならないのだ！！
]

[
例えて言うならば、当時の私は「溺れかかって」いて、助かる為に必死に泳いでいた。
彼らの依頼は、いわば、その「溺れかかった」私に対し、
「あっちに溺れかかった人がいるから助けてくれ」と頼んでいる様なものである。
それがどんなに非常識か、解って頂けるだろうか。
、、、どうせなら、溺れてない自分（ら）で助ければ良いのに、、、。
]
(私は今、これらの依頼も、実は、（元）受け入れ教官が）私の研究を妨害する為にさせたのでは？と疑ってすらいる。)

(iii) 上記と似たケースで、（やはり私が九工大にいた頃、）
つまらない論文の査読の依頼が何度かあった。
（あるものは査読を受け入れ、コテンパンに批判して“reject”を勧めた；
またあるものは、「私の専門外だ」ということで、査読を拒否した。）
これらに関しては、
私はただ真っ当に反応しただけである。
これで「恨み」を抱くとしたら、それはそもそもその依頼自体、
（私の研究の妨害等）「悪意ある動機」で行われた事の「状況証拠」である。

(iv) ANEX の理論関係の最初の（BMC Bioinformatics への）投稿論文に関し、
図の（非常にささいな）書き換えに関して、UH 時代の元上司（現場監督）と諍いが生じた事がある。
私は当時、心身ともに非常に衰弱しており、しなくてもよい変更はできるだけしなかった。
元上司が本当に善意で変更を望んでいたのなら、そんな些細な変更は自分でやってくれた筈であるが、
彼はそうしなかった。
従って私は、彼は実は、論文の投稿を故意に遅らせようとしていたのでは？と今でも疑っている。
[
振り返ってみれば、我々が UH で共に研究していた時から、
彼は私のことを嫌っているフシがあった。
（UH でのプロジェクトを「強制終了」し、私が一つの業績も残せない様にしたのも彼である。
（まあ、これは「総監督」の命令だった可能性もあるが、、、。）
]
従って、この諍いによる「恨み」というよりは、それ以前から妨害行為に走る動機を抱いていた、
というのが正確であろう。
（それが何故なのか？は私には全くわからない。）

(v) ANEX の理論関係の二回目の（J Mol Evol. への）投稿論文に関し、
UH 時代の元上司（現場監督）が共著者を降る意志を表明した後、
私が総監督に、彼はどうか？尋ね、総監督も共著者を降らした。
このことに関し、総監督が「恨み」を抱く可能性はないでもない。
私としては、（当時、心身共に調子がかかなり悪くなっていて、死も覚悟していたので、）
（また、当時、既に様々な妨害を経験し始めていたので、）
もし彼を共著者に残しておいて、私が死んだら、
（実はあまり MSA に詳しくない）彼は「敵方」からの攻撃に対処しきれないかも知れない、
と考えて、彼に（共著者を）降る余地を与えたのだが、
「業績を独り占めにしようとしている」と勘違いされた可能性はある。
（説明すればよかったのかも知れないが、強欲な彼と欲のない私とでは、
そもそも話が噛み合わない可能性が高い。）
[
とは言え、そもそも、この ANEX 関連のプロジェクトは、ほとんど私のオリジナルである。
（一部、UH 時代のプロジェクトを参考にしている部分はあるが、それに関しては、
彼らの雑誌掲載論文を適切に引用しているので、何ら問題はない筈である。）
従って、出版倫理の観点からすると、私の単著にするのが最も適切なのかも知れない。
（彼らへの「恩返し」のつもりで、彼らに共著者になってもらおうとしたこと自体が、

「出版倫理違反」だった可能性もある。）

]

あるいは、そもそもその前の妨害自体、彼ら（UH 時代の元上司達）によるものだったとすると、

（彼らが「敵方」から攻撃を受けることはあり得ないので、）

（俗な「損得勘定」によると）総監督は共著者を降りたことにより、「損しただけ」、となる。

[ちなみに、「出版倫理」「研究者倫理」の観点からは、真逆の結論となるのだが、、、。]

これらの「恨み」は、すべて、彼らの「欲」から生じており、

私には（もっと説明はした方が良かったのかも知れないが）「非」はなかった筈である、と強く信じている。

私が今思いつくのは、大体このくらいである。

こう見ると、(ii), (iii), (iv) は、そもそもそれ自体が「妨害行為」だった可能性があり、

それに対する私の反応に恨みを抱いたのだとすると、それはいわば「逆恨み」である。

とすると、根源的な「恨み」の種としては、(i), (v) それから、

UH 時代の現場監督の私への「憎しみ」くらいであろう。

上記で説明した様に、

それらは全て、不当な「恨み」である筈であり、即ち、私の側には「非」はない筈だ。

実は、（ろ）に関しては、「私怨」と「信用維持の試み」以外にも、

まだ幾つか考えられる動機はある。

(vi) 公募を勝ち取った「神々」ではない、

「虫ケラ」に過ぎない私が、よりによって（研究室でなく）自宅で研究を完成してしまう事に、

「神々」が自らの「存在意義の危機」を覚えた可能性。

[注：

「神々」と言う時、私は彼（女）らを崇拝している訳でもないし、「虫ケラ」と言う時、私は自分を卑下している訳でもない。

これらを使う時、私は彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている者たち）の「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！

]

もし、誰かが本気でこの様に考えたのだとしたら、それは「時代遅れな」考えだ、と言っておこう。

そもそも、「研究する事は『神々』の特権」と考える事自体、古い。

研究の為の設備や機器がそろい、十分な知識&技能を有するならば、誰でも何処でも研究をして良い筈であり、

（日本ではどうか分らないが）世界では実際にそういう例は増えている。

それに、私は「生涯研究者」にこそ成れなかったが、

博士号を二つ有しており、更に、研究論文を（ANEX 関係の七本を除いても）二十本以上雑誌掲載しており

（しかもそのうち十本は単著で、それ以外も大半は私が第一著者）、**研究を遂行する資格は十分にあると言える。**

更に、（生物関係へ転向して以後）**私の研究はコンピュータ解析主体であり、実験は行わないので、**

コンピュータさえあれば（研究室でなくても）どこでも出来る。

もし、上記の様な考えで妨害したのだとしたら、

それは紛れもなく「私利私欲の追求」であり、決して許されるものではない。

(vii) 私がかつて、（それほど多くはないが、恐らく、全部で3回前後）

「科学の歴史にしっかり名を刻むこと」への願望を表明したことがあるが、

それに**気分を害した可能性。**

もし本当にそうだとすると、何故、気分を害さなければならないのか、甚だ疑問である。

そもそも、科学者（研究者）を志すものの（全てではないにせよ）多くは

「科学の歴史に名を刻む」願望を有しているものである。

日本の社会一般では、それを、「そんなことないです」と謙遜してみせるのが

好まれる傾向にあるのかも知れない。

しかし、「**真実の追求**」が至上命題である**自然科学**においては、

謙遜も所詮は「嘘」であり、そのような嘘をつく人間は逆に信用置けない筈である。

科学者（研究者）を志す限り、常に正直でなければならないのだ！

[注：

誤解なき様に言っておくと、私は別に「欲望に忠実に、何でもして良い」と言っている訳ではない。

特に、（「authorship 贈収」やデータの捏造や改ざん等も含めた）

「不正」も結局は「嘘」「不正直」であるから、決して行ってはならないことである。

]

それに、

私は、（特に三島に移って以降、）研究を続ける為に、
結婚も恋愛も諦め、（合気道、居合道、スキー等の）趣味も一切止め、
大好きな入浴すら週に一、二回に制限し、ストイックに精進してきた。
そして今、安定な職に就くのすら諦め、ANEX 完成の為に、「人生の残りのすべて」も捧げた。
そんな私が、「科学の歴史に名を刻む」願望を持つのは、
けしからぬ事なのだろうか？

もしそれでも

「けしからぬ」と誰かが言うのなら、その正当かつ明確な理由を教えてください。

また、（私の様な）「虫ケラ」の分際で、その様な願望を持つな！

と言うなら、それは謂れのない「差別的発想」である。

（(vi) でも述べたが、）

公募を勝ち取ろうがなかろうが、「神々」であろうが「虫ケラ」であろうが、
十分な知識&技能さえ有していれば、誰でも研究する権利を有している筈であり、
「科学の歴史に名を刻む」権利もある筈である。

それを勝手に「神々」だけの「特権」と決めつけるのは、如何なものだろうか？

[

あなた方「神々」は、

既に研究室を持って、（自らの研究活動の手伝いの為に）多くの人々を雇い、
社会的なステータスを有してかなりの給料ももらっている。

あなた方は、それでも満足できないのか？

「虫ケラ」の私は、

そのどれも持たないから、自宅の狭い部屋を「研究室」代わりに使い、

（炊事洗濯掃除等の家事も含めて）必要な事はすべて自分で行い、

「引きこもり」「ニート」と蔑まれ、そして自らの貯金を切り崩しながらも、

それでもただひたむきに研究を続けてきた（しかも、病氣療養を続けながら）。

そして私は今、研究開発プロジェクトを一応「完了」した。

そんな私が科学の歴史に名を刻んではいけないのか？

]

[注：

「神々」と言う時、私は彼（女）らを崇拝している訳でもないし、「虫ケラ」と言う時、私は自分を卑下している訳でもない。
これらを使う時、私は彼（女）ら（＝自分を「神々」と思っている者たち）の「心の声」を代弁しているに過ぎないのだ！

]

以上、「他の可能性」の多くは、

彼（女）ら「神々」が、（自らに既に与えられた数々の「特権」から）勘違いして

「研究する権利」も彼（女）らの特権だと勝手に思い込んだ

ところから生じている様に思う。

どう思い込もうがそれは個人の勝手だが、それを行動に移して、

科学のこの分野（相同配列解析&分子進化）を正しい方向に導く私のこの研究の妨害をするのは、
人類全体の正しい発展を妨げる、「許されざる行為」である

ことは、十分に認識しておくべきである。

[（補足１：）

この分野の「暗黒時代」を終わらせる為に、

（それが私であろうがなかろうが）誰かがこの研究を1日も早く成し遂げねばならなかった。

そして、残念な事に、当時それを成し得るのは私だけであった。

（だが、論文とプログラムパッケージがオープンソースとして公開された今、その状況は変わった。）

]

[（補足２：）

ここでも例えを出させて頂けるなら、

この ANEX 研究開発プロジェクトは、私にとっては、

なかなか子宝を授からないので色々和不妊治療等を試して

ようやく授かった一人娘を手塩にかけて大事に育ててきたようなものである。

彼（女）らの妨害行為は、謂わば、

私を抵抗できない様に縛り上げて、その目の前で、

この大事な一人娘を大勢でよってたかって鬨（なぶ）り殺しにする様なものなのだ!!

]

[(補足3:)

「お前は、かつて彼らに研究の場を提供してもらった恩を忘れたのか？この『恩知らず』め！」
と私のことを非難される方々がおられるかも知れない。

もちろん、私も彼らへの恩義は感じていたし（こんな目に遭った）今ですら感じている。

それを踏まえた上で、それでは聞くが、

かつてあなたの命を救ってくれた「恩人」が、突然やってきて、

「俺の私利私欲を守る為に、『人柱』が必要になったから、お前の娘を差し出せ」

と言われたら、

あなたは素直に「はい」と言って、手塩にかけて育ててきた大事な一人娘を差し出すのか？

これはそういう問題なのだ!!

]

4、論考2：日本社会の抱える問題点

これまで記録してきた私、「負け組科学者」の「失敗例」から、**現代日本社会が抱える問題点**も幾つか透けて見えてくる。

主なものとしては、

(い) (真のエキスパートの養成&登用を阻害する) 「何でも屋」志向社会、
(ろ) (個々人の「個性」「多様性」を尊重しない) 「均質性」志向社会、
(は) (狭いコミュニティの利害を優先させる) 「村人根性」の広まり、
等が挙げられよう。

以下、もう少し詳しく論じてみる。

(い) (真のエキスパートの養成&登用を阻害する) 「何でも屋」志向社会。

[(事例：)]

私は、(自分で言うのも何だが) 類まれな「数理科学的能力」を有しながらも、
コンピュータ操作能力と対人コミュニケーション能力が不足していた為に、
人生の後半の間ずっと苦しみ続けた。

仮に、「真のエキスパート」用の安定した職が存在し、
コンピュータのエキスパートおよび彼(女)と私を「つなぐ」対人コミュニケーションの専門家の
「助け」を得られていたならば、
ANEX の「完成」だけにとどまらず、もっと更に進んで重大な研究成果を残せていた事だろう。

]

日本では、(そもそも教育&受験制度からしてそうなのかも知れないが、)
何でも器用にこなす「何でも屋」が重宝される一方で、
一つの技能だけに異常に長けた「真のエキスパート」は敬遠、あるいは軽蔑すら
される傾向にある。

(ちなみに、私が言っているのは、対人コミュニケーションも含めた話である。)

目指すべき方向性が確かにあった(様に見えた)
バブル経済期の頃まではそれでも何とかあったのかも知れないが、
現代の様に「目指すべき方向が見えない」上に国際競争が激化した時代には、
「何でも屋」達は(現状維持の用途以外には) ほとんど役に立たず、
様々な分野における「真のエキスパート」達がフルに活躍してこそ、
未来への「活路」が見えてくる筈である。

日本は、もっと「真のエキスパート」達を積極的に養成し、登用出来る様な
国家規模のしくみを整えるべきだと私は思う。

さもなくば、近い将来、日本は(比喩的に) 「沈没」してしまうだろう。

同様な事は、科学研究の分野においても言える。
今日、日本の「科学技術立国」としての国際的な地位&存在感は
どんどん低下している様だが、私が思うにこの一因は、
(科学研究への予算が減った為に、必然的に)
「何でも屋」ばかり登用し、「真のエキスパート」の活躍の場を奪ってきた
ことにあるのではないかと？
もっと、「真のエキスパート」達を登用し、
彼(女)らが活躍出来る様な環境を整える事が、
日本の「科学技術立国」としての復権への近道だと私は信ずる。

(ろ) (個々人の「個性」「多様性」を尊重しない) 「均質性」志向社会。

[(事例：)]

私は、(最近まで気付かなかったが) (性格、考え方、行動様式、等々が) 周りと「一風違っている」せいか、
しばしば周りから「浮いて」孤立し、また、
(特に遺伝研に移って以降) 「**大人のいじめ**」の様な仕打ちに遭うことも少なくなかった。

(「周りと違う」以外には) 特に何も悪い事はしてない筈なのに、
何故そんな仕打ちに遭わねばならないのか、当時も分からなかったし今も分からない。
ちなみに、私が「周りと違う」理由の一つとして、
睡眠障害や(コミュニケーション障害も含む) 発達障害(多分「アスペルガー症候群」) の関与が考えられる。
]

何故か、日本人は、「**周りと同じ**」であることを好み、常に周囲を意識して行動している。

[

よく、「**空気**」云々と表現されるが、これは、コミュニティの「**均質性**」を前提としている。

「個性」「多様性」が前提の（米国等）外国では、まず、（状況その他の）説明から入るのが常識だからだ。

]

そして、「周りと違う」者達に対しては平気で冷たい仕打ちをする。

おそらくこれが、「いじめ」「不登校」の原因の（すべてでないにせよ）一部になっていると私は思う。

[注：

日本人は（短期滞在している）外国人達には一見寛容に見えるが、これは恐らく、彼らを「**部外者**」（あるいは「**お客様**」）として（心の中で）排除しているからで、一旦コミュニティに入り込んで来たら、外国人に対しても容赦はない。

]

「『**個性**』や『**多様性**』の尊重」が謳われる様になって久しいが、それがなかなか浸透しないのも、恐らくこの「**社会全体の性向**」（つまり、「**均質性**」志向）が関係しているのではないだろうか。

このままでは、日本は、地球規模での国際化の波に取り残され、
本当は（少子高齢化を補う為）多くの外国人達の助けを借りねばならないのに
彼（女）らにソッポを向かれる日もすぐそこまで迫っている。

、、、国家の危機を救う為、「個性」「多様性」の尊重は急務なのだ！！

この問題は、また、（い）で述べた「**真のエキスパート**」の養成&登用の問題とも関係がある。

発達障害（特に自閉スペクトル障害）の人達は、（「**総合力**」では常人に劣るが）ある特定の能力に限ると常人を遥かにしのぐ能力を発揮する傾向にあると聞いた事がある。
即ち、彼（女）らは（適切な環境さえあれば）**「真のエキスパート」の有力候補**となりうるのだ。
しかしながら、現代日本の様な「**均質性**」志向社会では、
発達障害の人々はしばしば排除、もしくは謂れのない非難を、されてしまう。
これでは**「宝の持ち腐れ」**である。

日本の「科学技術立国」としての復権の為には、
発達障害の人々を含む個性／多様性のある人々も「**コミュニティの一員**」として受け入れ、
彼（女）らにもその能力を遺憾なく発揮してもらえる様な
環境を整えなければならない。

[

コミュニケーションに関しては、

まずは誰でも体系的な訓練を受けられる様にしてコミュニケーション能力を伸ばすことが大切だが、
恐らくそれだけでは問題解決できない人々も出てくる。

（そして、そう言った人々こそ、「**世紀の天才**」である可能性もある。）

従って、そう言う人々に対しては、（まるで外国人に付ける通訳の様に）

彼女らと周りを「つなぐ」専門家を付ける必要があるだろう。

そうした専門家を養成&配備する体制も整えなければならない。

]

しかし、ただ環境を整えれば十分か？というと、そうではないかも知れない。
この現代日本に長く染み付いた「**均質性**」志向を取り除く（あるいは克服する）には
もっと積極的に、（道徳等も含めた）**精神の教育**を施す必要があるかも知れない。

（しかも、学童だけでなく大人達にも。）

とにかく、放っておけば、この、日本全体に蔓延している「**均質性**」志向は、
日本の「危機脱却」を阻害する「足かせ」になることは間違いないであろう。

（は）（狭いコミュニティの利害を優先させる）「**村人根性**」の広まり。

[**（事例：）**

私はしばしば、「科学（分野）（あるいは人類）全体」の利益と、（自分の（元）上司（or（元）教官）を含む）

「狭いコミュニティ」の利益を選ばなければいけない時に、

「科学（分野）（あるいは人類）全体」の利益を優先させて、

その結果、（元）上司（or（元）教官）との関係が悪化することが多々あった。

もっと彼らに理解があれば、この様な事にならずに済んだのに、、、。

]

最近、（コロナ、災害を除いて）ニュース番組等を賑わすのは数々の「不正」にまつわるスキャンダルである。
私思うに、これも（少なくとも一部は）**日本人特有の性向**から来ているのではないかな？

（私思うに、）日本人はやたらと群れたがる。
そして、その様にして出来た「狭いコミュニティ」の利益を、
自分だけの利益はもちろん、もっと大きな「社会全体」「人類全体」の利益も置いといて、
最優先させる傾向にある。

その結果起こったのが、数々のスキャンダルである。
つまり、**本来ならば、最優先させるべきは、「社会全体」「人類全体」の利益である筈**なところを、
「狭いコミュニティ」の利益を最優先させるから、問題が起こるのだ！

そして、この日本人特有の性向も、「いじめ」の**一因**になっているのではないかな？
つまり、「狭いコミュニティ」のある一員が、
そのコミュニティの利益よりも「社会全体」「人類全体」の利益を優先させた時、
（本来それは褒められてしかるべきところを）「裏切った」と見なされ、
他の全メンバーからの「制裁」（もちろんこれは不法な筈である）を受ける
、、、しかも、執拗に。
そして、だからこそ、余計に、「狭いコミュニティ」の利益が最優先される傾向にあるのだ。
（誰でも、「いじめ」を受けるのは嫌なのだ。）

また、上司から部下に、「狭いコミュニティ」の利益を最優先した行動（即ち「不正」）、
を強要する事も「いじめ」同様によくありそうだな。

思うに、この日本人特有の性向が原因（の一部）である以上、
ニュースを賑わせている数々のスキャンダルは、恐らく、「氷山の一角」に過ぎないだろう。

[
そしてそれは、私が属してきた科学研究の世界に於いても、例外ではあるまい。
実際、私は特に authorship に絡んだ不正の実例は沢山知っているし、
また、「これって実はデータを捏造改竄しているのでは？」という
「不自然な結果、結論」もしばしば見かける。
しかしながら、「**真実の追求**」が**至上命題である科学に於いては、
事実を捻じ曲げて伝えることは、あってはならない「悪業」である。**
科学研究に携わる者は、くれぐれも、「**人類全体**」の利益を最優先させることを
心に刻んでおかねばならない。
]

これも、「国民全体の性向」が原因なので、治すのはそう一筋縄にはいかないかも知れないが、
まず検査（&査察）および罰則の強化はもちろんのこと、
（これも学童のみならず大人も対象とした）徹底した教育で、
「社会全体」「人類全体」の利益を最優先させることの大切さ、をしっかりとたたき込むことによって、
ある程度は改善できるであろう。

以上、幾つか問題点（およびその解決策）を挙げて来たが、いづれにせよ、

私は「性善説」は信じないので、人々の善意に任せるだけでは決して解決しないと思う
（し、これまでは実際そうであった）。

従って、
「性悪説」に基づいて、
（厳しい罰則も含む）しっかりとした**法体系**および**社会体制**を整備する事、
そして、（大人も対象とした）徹底的な教育により、理念をしっかりと叩き込む事、
が**問題解決への確実な道**である、と信ずる。
（基本的に、これはどんな問題に対しても当てはまると思う。）

5、結論：真の「One Team」を目指せ！

以上、色々と記録、そして議論して来たが、
すべてひっくり返してまとめてしまうと、

私は、私自身の抱える睡眠障害および発達障害（気味性向？）のこと、
および当時および今の日本社会の状況、
を考えると、よく頑張った方だと思う。
[
、、、今、改めて、私は自分自身を褒めてあげたい。（有森裕子さんのパクリです。ゴメンなさい）
]

しかしながら、日本社会がもっと、
私の様な「変わり者」もきちんと受け入れられる様な社会であったならば、
もっと「ずっと先」まで進めたかも知れない、
と考えるとそれはいささか残念である。

「論考2」で挙げた、現代日本社会の問題点：

- （い）（真のエキスパートの養成&登用を阻害する）「何でも屋」志向社会、
- （ろ）（個々人の「個性」「多様性」を尊重しない）「均質性」志向社会、
- （は）（狭いコミュニティの利害を優先させる）「村人根性」の広まり、

が、一日も早く解決され、日本が「科学技術立国」として復権する
ことを願って止まない。

既に一年近く経ってしまったが、
2019年に日本で開催されたラグビーのワールドカップは、
日本チームの活躍もあって、非常に盛り上がった、、、様である（私はあくまで傍観者）。

その時、しばしば耳にしたキーワードが、**「One Team」**であり、流行語大賞にもノミネートされた。

そして、全国各地の組織、会社、部署、等々で、上司達が「One Team」を唱え出したとか何とか、
とたびたび耳にした記憶がある。

ただ、
（私はその現場に居合わせた訳でもないで様子が全くわからないのだが、、、）
私が一つ懸念していることは、
その上司達は、「（共通の目標に向かって）チームで一丸となる」という、
「精神論」だけを強調してはおるまいな？
という事であった。

、、、もし、
その通りだったとすると、それでは昔から何の変りもない、、、
「精神論」で立ち向かった日本軍が、確固たる「科学技術」に立脚したアメリカ軍にコテンパンにされた
（もう、75年も前！の）第二次世界大戦の時と全く変わらないのだ！
、、、そんな、「精神論」だけだったら、
（ラグビーの）日本チームはあんな快進撃を見せられなかった筈である。

日本人、特に（私の世代も含めた）「旧（ふる）い」日本人、は、とにかく「精神論」を強調したが、
もういい加減それは「卒業」して
もっと合理的、科学的に物を考える様にしたらどうか？
と私は思う。
（いずれにせよ、「さとり世代」が中心になる頃には自然に変わるのかも知れないが、それでは遅すぎる。）

私が理解する**「One Team」の「真の理念」**とは、

個性ある多種多様なメンバー達が、
それぞれに最適な「持ち場」で、その個性、「持ち味」を十二分に発揮して、
ガッチリとしたモザイク構造の様な「スクラム」（あるいは「チーム」）を築き、
そして、「共通の目標」へ向けて一丸となって進んでいく。

というものである。

[

もしかしたら、私が誤解している可能性もあるが、それはそれで構わない；
その時は、私は単に「One Team」にかこつけて、私自身の「理念」を語っている、
と解釈して頂いたら結構である。

]

そして、これはまさに、

今、（「論考2」で議論したのも含む）さまざまな問題を抱えている**日本社会自体**が、
それら問題を脱却して、「理想的な社会」に生まれ変わる為に、
必要な姿なのではなからうか？

つまり、

「普通の人」達も、（私の様な）「普通でない」人達も、様々な障害を抱えた人達も、そして外国人達も、
すべて、コミュニティ、あるいは社会全体、の一員として受け入れ、
彼（女）らに適切な「持ち場」を与え、
彼（女）らがその「持ち味」を十二分に発揮できるような環境を整え、
そして、みんなの力で、ガッチリとしたモザイク構造の様な「スクラム」を築き、
この国（あるいは世界中）の抱える数々の難題を乗り越えて行く、、、

、、、そんな、**真の「One Team」**が、
この日本、あるいはむしろ世界全体、で、近い将来に実現することを、
私は願って止まない。

補遺A：懺悔（ざんげ）（一般編）

私は、（幼少の頃はいざ知らず、大人になってからは）「清廉潔白」をモットーに生きてきたが、そんな私も聖人君子ではないので、（大抵は不本意ながら、あるいは不注意で）幾つかの「罪」を犯してきた。気づいたらできる限りその場で謝る（あるいは償う）様にはしてきたつもりだが、謝る機会を逸してしまった事も時々ある。

以下、私が過去にしでかした、清算済みでない「罪」を覚えている限りすべて挙げて、この場で懺悔させて頂く。（ここでは日常生活に関わる「罪」を懺悔する；研究に関する「罪」は別の機会に、、、）

[

ただし、注意しておいて欲しいのは、私は基本的に「目には目を、歯には歯を」というタイプであり、相手が私に何らかの（肉体的 or 精神的 or 社会的）「危害」を加えて初めて相手に「返し」するということだ。（あるいは、私の誰かへの言動は、その誰かの私への言動の「鏡」だ、と言う事もできる。）だから、私自身が「正当な行為」と認識しているものについては以下には挙げない。もしもあなたが、以下に挙げられていない「危害」を私に加えられた記憶があるならば、その前にあなたご自身が私に何かしてなかったかよく思い返して欲しい；おそらく、あなたが先に私に何らかの危害を加えていた筈である。

]

[

又、私は自分自身がしでかした「罪」については真摯に謝罪するが、自分がやってもいない「罪」に関してまで謝罪するつもりは毛頭ない。その為、当時の状況や心情についてはできる限り丁寧に説明することにする。（くれぐれも申しておくが、それらは「言い訳」ではない！！）

]

- * 幼児期から小学1、2年生にかけての「窃盗癖」
幼児期にしばしば隣近所の駄菓子屋さんから品物を盗んでいたおぼろげな記憶がある。（この件については、駄菓子屋さんも気づいていた様で、私の両親との間で話がついていた様である。）小学一年生の時、当時仲良しだったY君の家に忍び込んで、ノコギリクワガタやゴマダラカミキリを盗んだことがある。ひょっとしたら彼の家では「いなくなった」と大騒ぎになっていたかも知れない。Y君、遅ればせながら、本当にごめんなさい。

[なお、記憶にあるかぎり、小学三年以降はそのような窃盗や万引きはしていない。（実は、二年でも記憶はないが、「やってない」と言い切る自信もない。）]

- * これも思春期のはしりだったのかも知れないが、、、小学5、6年の頃は、私も結構いたずらをしたものであった。例えば、クラスのある男子とある女子のフルート（縦笛）を（練習の前に）密かに交換して「間接キスだ」とか言って喜んでいたこともある。（ちなみに、私の記憶にある限りでは、この「間接キス」は一度しかしていない。ただし、その時の共犯者達が私とは無関係にやっていたかどうか、までは関知していない。）この様ないたずらで傷ついたり不快な思いをした方々がいたとしたら、この場を借りて、心よりお詫び申し上げる。

- * これは、ひょっとしたら、幼少時に犯した中で最もひどかった「罪」かも知れない。あれは確か小学5年か6年の頃、学期の変わり目にいつもの様に「班編成」があった。「班編成」とは、約40人いるクラスの生徒を（大抵）6つの班に分ける作業である。

[

大抵は、まず男女別々に仲の良い友達同士でくつつき、その後、男子と女子は交渉なりクジ引きなりでカップルさせる。

]

そして、色々あって、私達の班に、台所によくいる黒くてすばしい昆虫の名のアダ名を持った男の子が入ることとなった。班名を考える際に、私がつい茶目っ気で「補遺.布衣」というのを考えると、そのまま通ってしまい、そして、班のポスターを製作する際に、あろうことが、

女子が、あの、家の形をした害虫捕捉器の小さな絵を隅に描いて、
その男の子の名前からその絵まで曲がった点線の矢印を引いたのだ！
私はさすがにそれはやりすぎだと思ったが、喧嘩しても勝てそうにない相手だったので、黙認した。

[
この下線部の発想も（特に今日では）問題かも知れないが、ここではスルーする。
（更には、「男子のくせに女子に喧嘩で勝てないのか？」
と突っ込まれそうな気もするが、これもスルーする。）
]
これで、（当然だが）その男の子は怒り、（担任も巻き込んだ）クラス中の問題となった。

この件に関して、私は二つの「罪」を犯してしまった：
まず、あのような班名を考えた事、
そして、女子が絵を描くの止（と）めなかった（あるいは、描いた絵を消さなかった）事である。
後者は下手に対処すると問題がこじれる可能性があるので、難しいところだが、
いずれにせよ、その班名さえ考えなければ、女子もあの様な行動に走ることはなかっただろう、
と考えると、この件で一番重い「罪」は前者であろう。
そして、あの時、
私がもっとしっかりとその男の子の気持ちになって考えていさえすれば、
そんな班名を提案する事など決してなかっただろう。
そう考えると、
この件で傷つけてしまったその男の子、
そして、不安を与えてしまったクラスの皆さんに、大変申し訳ない事をしたと思う。
この場を借りて、改めて、深く、心よりお詫び申し上げる。

- * これは、「お詫び」というよりは「お礼」なのかも知れないが、
私が小学六年生の時、確か教室で友人とサッカーボールで遊んでいた時に、
当時の担任の教師が入って来て、まず友人、そして私が往復ビンタの連続をくらったことがあった。
（最低でも5往復はくらったような気がする。）
友人が食らっている間に尿意を催した私がトイレに立とうとすると（注：用を足したら戻ってくるつもりだった）、
その教師に呼び止められ、トイレに行く間も無く往復ビンタが始まった。
当時、（朝起きるとよく、枕が鼻血まみれになっているなど）鼻血が出やすかった私は
過度に緊張していたこともあり、鼻血をあたり一帯にまき散らしてしまい、
そこで緊張が緩んだのか、尿を失禁してしまった。
クラスメート達は文句も言わず、私の鼻血と尿を掃除してくれ、また、その後いじめに遭ったりもしなかった。
私は当時のクラスメート達に対し、心よりお礼を上げたい。
また、私と友人がその前にやっていた事は明らかに良くない事なのは分かったので、
その事に関しては真摯にお詫び申し上げる。
それに、その教師が往復ビンタを食らわせた事も、咎め立てする気はない：
当時は、その程度の「指導」（敢えて「体罰」とは言わない）は当たり前の時代であった。
ただ一つ、せめて私がトイレに行って戻ってくるまでその教師が待っていていたら、
あんな「惨状」にはならなかったのに、、、とは今でも思う。
その教師には、もっと生徒のことを信じて欲しかった。

- * 小学校高学年～中学二年の奇行。（スカートめくり、突然叫ぶ、教室でサッカー等、、、）
、、、ひょっとしたら、思春期（第二反抗期）もしくは厨二病の症状だったのかもしれないが、
被害者達やそれを快く思わなかった方々には、ここに改めて、謹んで、お詫び申し上げます。
[ちなみに、スカートめくりは、
（我々の中学校での慣習として）下にブルマーを穿いている事を知った上で行っている。]

- * 中学二年後期の時、（私の理解が正しければ）教師達の陰謀により、
生徒会長に立候補するハメになった。
その時（恐らく「教師達の思い通りになるもんか」という気持ちもあって）、
「生徒の、生徒による、生徒のための生徒会」を実現する、という公約を掲げた。
結局、会長に当選してしまったが、
通常業務をこなすだけで精一杯で、公約を果たす為の具体的な方策はほとんど取ることが出来なかった。
（恐らくそんなことはないだろうと思っはいるが、）
もしも本気で上記の公約を期待して投票してくれた方々がいたとしたら、
あるいは、「『生徒の、生徒による、生徒のための生徒会』なんて所詮無理」

と幻滅してしまった方々がいたら、
この場を借りて、公約を履行できなかった事を心よりお詫び申し上げます。

- ＊ 中学時代の小テストの採点。
（模範解答と一字一句違わない時だけ○にする等）ちょっと採点が厳しすぎたかも知れない。
[例、
「ヒトラー」を「ヒットラー」としただけで×にするなど、、、
元々 Hitler の日本語変換に過ぎないので、どちらでも構わなかったと今となっては思う。
]
「被害者」の方々には大変申し訳ないことをしたと今では後悔している。
[
ただ、当時はまだ、融通の利く採点が出来たほど物事をよく分かっていなかったことも事実だが、、、
]
- ＊ あれは確か中学二年の時、私は担任の教師に依頼されて、
朝（あるいは教師が出張中の授業時間だったかも知れない）の自習時間の「監視」をする事になった。
そこで、大人しく自習してない者は注意し、
それでも態度を改めない場合はノートに「罪状」を記録することになっていた。
後で、何人か不満のある者に食ってかかれる事もあったが、
喧嘩にならない様に手を出すことは差し控えた。
当時は「正義は自分にあり」と思い、ただ忠実に任務を遂行しただけだったが、
今となって思えば、もう少し融通の効いた対応ができれば良かったかも知れないと反省している。
[
例えば、もしかしたら、不満のある者達は、
もっと教師達に自分らを信用して、その「裁量」に任せて欲しかったのかも知れない。
当時の私は「先生の言うことは（大抵）正しい」とただ従うだけだったが、
今になって考えてみると、頭ごなしに生徒を押さえつけるよりは、
もっと生徒の自主性に任せた方が、良い結果を生じたのではないかと
等と考えたりもする。
]
当時、融通の効かない私の「被害」に遭われた方々には心よりお詫び申し上げます。

[
ちなみに、教師がクラスの皆んなの前で、1つ1つ「罪状」を読み上げたのは、私もやりすぎだと思った。
、、、てっきり、一人一人呼び出して注意するだけかとおもっていたのに、、、。
今思えば、その旨（つまり苦情）を教師に伝えておけばよかったかも知れない。
]
- ＊ あれは中学三年の夏、私が所属していた野球部は市大会の決勝まで進んだが、
ライバル、東秩父中に惜しくも敗れた。
（ちなみに、私は背番号すらもらえなかった。）
その後、その決勝で、私と友人が（終始？）ニコニコしていたという、あらぬ噂が広まった。
それはとんでもない言いがかりだと私は思う。

私は（そして友人も）、背番号こそもらえなかったが、「我がチーム」に誇りをもっていた：
A、N、Tの3人は、（あくまで素人目線ではあるが）そのままプロに行っても活躍できるのでは、
と思えるくらいすごかったし、
そのほかのレギュラーメンバー達も「走攻守」そろったツブぞろいであり、
このまま（決勝に勝って）県大会に進んでも結構いいところまで行けるのでは、
と本気で思っていた。
そして、彼らの活躍を楽しみにしていた、、、ただし、（当事者と言うよりは）「一ファン」として、、、。
、、、当時の私には、クラブでの「居場所」が既になくなっていたのだ。

思えば、それは、中学2年の後期、部員間での連帯感を高めるのに最も大事な時期に、
私が生徒会（上記参照）や文化祭実行委員会（私はそこでも副委員長をやられていた）の為に、
しばしば部活を欠席あるいは大幅に遅刻せざるを得なかった為に、
他の部員達との連携や連帯感を養えなかったせいもあるかも知れない。
あるいは、中学の当時、私は故障や怪我ばかりしていて
（注：くれぐれも言うておくが、それは「仮病」ではない）

そんなことをしても自分の為にならないことくらい、私自身が一番よく分かっていた)、
更に視力も坂を転げ落ちる様にどんどん悪くなっていたので、
技術や体力面で仲間達からドンドン引き離されていた事も一因だったかも知れない。

そんな事もあって、3年になった頃には、野球部には、私の「居場所」は無くなっていた。
それからは、ただ部活に出席するのを考えるだけでも、心が重かったが、それでも我慢して出席した。
(不登校の生徒達の気持ちは、おそらく当時の私の気持ちをより重くした感じかも知れない、
等と思ったりもする。)

そして、
「もしチームが県大会に進むことになったら、私は(部活を) 続けるべきか辞めるべきか?」
密かに思い悩む様になっていた。
しかし、チームが市大会の決勝で惜しくも敗れ、そのように思い悩む必要がなくなった為に、
一瞬、表情が緩んだ事はあったかも知れない。
その「一瞬の表情の緩み」を「(終始) ニコニコしていた」と誤解(あるいは誇張)するのは
勘弁して欲しいが、
その「一瞬の表情の緩み」で傷ついた、あるいはそれを不快に思った、方々がいたのだとしたら、
それは(私が意図してやったことではないとは言え)大変申し訳なかったと、
この場を借りて、心よりお詫び申し上げます。

[
中学一年で入部した当時は沢山いた(同学年の)野球部員達も、
三年になるころには半分くらいに減り、
辞めた部員達は、ある者は帰宅部になり、ある者は(主に文化系に)転部した。
今思うと、私ももっと早く(自分の実力のなさを思い知って)辞めておくべきだったのかも知れない。
そうすれば、(3年の1学期)放課後常に気持ちが重く沈む事もなかっただろうし、
あの様な「あらぬ疑い」をかけられる事も、また、他の部員達を不快にさせる事も、なかっただろう。
]

- * あれは確か中学三年の時、私の「痴漢疑惑」が持ち上がったことがあった。
私の記憶が正しければ、それはクラス全体で(各々の席のところで立ちながら)
何かの歌を唄っていた時だったと思うが、
私は何かの拍子にバランスを崩して隣の女の子のお尻に手が触れてしまったのだ!!
(今思うと、ひょっとしたらその時、
(現在も苦しんでいる)ナルコレプシーの関係で目眩がしたのかも知れない。)
その後すぐに謝れば良かったのかも知れないが、
私は(特に女子と)話をするのが非常に苦手で、
しかもその相手が小学生の頃から密かにいいなと思っていた女の子だったこともあって、
余計に意識してしまって何も話すことができず、疑惑が深まったままになってしまった。
(彼女は上白石萌音さんにちょっと雰囲気の良い可愛い女の子だった；
あのまま歳を重ねていれば、今頃は堀内敬子さんのような可愛い大人の女性になっているかも知れない。)

今となっては遅すぎるかもしれないが、彼女には本当に申し訳なかったと思う。
心からお詫び申し上げます。
ただ、あれはあくまでも事故であり、故意にやったのではない事だけは分かって欲しい!!
彼女があのような事件のせいでその後男性不信等になっていなければ良いのだが、、、
とただただ願うばかりである。

[
ちなみに、その後、私は、
電車に乗るときもできるだけ両手でつり革に捕まるなど、
痴漢と間違われない様に心がける様になった。
]

- * あれは確か高校二年の秋、私が体育委員だった時、
運動会の種目に出る選手を決めていた時、私が
「どうせ勝てないんだから、楽しくやろうぜ!」と発言した。

[
その背景としては、何故かそのクラスは(球技大会や柔道大会等)その高校ではしばしば行われていた
クラス対抗のスポーツ大会での成績が芳しくない、という事情があった。

]

この発言で火がついたのか、運動会では
クラス全体でかなりふざけた感じの参加の仕方になってしまい、
他のクラスや教員達からヒンシュクを買うこととなった。

[

私も、（特に後半は）「流石にこれはちょっとやり過ぎでは、、、」と思ったりもしたが、
エスカレートを止める有効な手立てを打てなかった（むしろ「火に油を注いでしまった」可能性すらある）。

]

まず、クラスの皆さんに、不用意な発言をしてしまった事を、本当に申し訳なく思う。
そして、他のクラスや教員の皆様方にも、体育委員としてクラスの振る舞いを制御できなかった事を
心よりお詫び申し上げます。

[

後日談として、体育教師の苦言により、反省した我々クラスは、
その後で開催された全校クラス対抗駅伝大会では発奮し、
皆さんの頑張りのおかげで（また、相手クラスの不運も手伝い）かろうじて最下位を免れた。
、、、あの時、クラスの皆さんでアンカーを囲みながらゴールしたのは、
何だか青春映画の一コマの様だったな〜。

]

- ＊ 阪大合気道部で、二代下の後輩達が幹部の時の初夏に起きた「大事故」に関して。
（これは下手に隠し立てして後で暴露されるよりも、先に公にした方が良いと思ってお話する。
ちなみに、民事、刑事の両方面から「解決済み」の件である筈である。）

私は大阪大学時代、合気道部に所属していた。

（学業に差し障りのない範囲ではあるものの）結構のめり込んだ記憶がある。

私が現役引退して2年後、その「大事故」は起きた。

稽古中に、一人の新入部員が動かなくなり、その後亡くなられたらしい。

（私はその稽古には参加しておらず、後で話を聞いた。）

部員はもちろん、私を含め多くの OB&OG もその葬儀に参列させて頂いた。

その後、部員と OB&OG で話し合って、

このクラブ活動における安全確保の為の様々な方策が提案され、

これを機に、クラブ活動の様式も大きく変わった。

特に、新入部員には、以前よりもきちんと受け身などの安全策を身につけさせる様になった。

（いざとなったら主将でも抑えられる、「安全係」を設置する様になったのも、これがきっかけだった。）

改めて、亡くなられた新入部員（当時）の方のご冥福を心よりお祈りし、

その方およびご遺族の方々に心よりお詫び申し上げます。

何故、今、私がこの大事故のことを持ち出したかと言うと、
間接的に私もその一因になっていたのでは？という疑念が拭い去れないからだ。

我々が幹部の頃（ちなみに私は四人いる副将のうちの一人）、
稽古中に主将が一年生を殴ったり蹴ったりして怪我をさせることがしばしばあったが、
我々他の幹部達は黙認していた。

その理由（あるいは「大義名分」と言うべきか）としては、

「そもそも合気道とは『相手の攻撃をさばいてナンボ』なので、

殴ったり蹴ったりされて怪我するのは『未熟』の証拠だ、」

という考えがあった。

（しかし、今思うと、その考えは黒帯を取った幹部以上に適用するのならわかるのだが、

その考えを入部して間もない新入部員に適用するのは如何なものか、と疑問に感じる。

むしろ、捌き方などをもっと徹底して教えるべきだった。）

もう一つの理由は、主将が非常に練習熱心で自己研鑽も欠かさず、また、

部関係の様々な責任を一身に負っていた為に、なかなか意見をしにくかった、というもある。

（これも、今思えば、そんなことに構わず、意見するべきだったかも知れない。）

そんなこんなで、主将に口出しはできなかったものの、

一年生が傷つけられ、あるものは辞めていく、

そんな状況には私も内心は心を傷めていたのは事実である。

そして、2年後の主将は、その最もひどい「被害者」であった。

そこで、私は、彼らが幹部になる時に（多分春合宿の打ち上げコンパ回りだったろうか）、その新主将が（新しく入って来る一年生を使って）「復讐（リベンジ）」するのを防ぎたい、という思いから、

「合気道家だったら、殴る蹴るではなくて、技で勝負しろ！」

と彼に言った。

[

ただし、私の「常識」としては、受け身もロクにできない相手には、（頭を打たない様に支えてやるなど、）十分な安全策を講じる事は当然だと思っていた（のでそれは一々言わなかった）が、それが当時の（彼も含む）周りの「常識」とは少し違っていた可能性はある。

]

そして、彼はそれを誤解して、本当に「（抜き身の）技で勝負して」しまったのかも知れない。

[

私自身も、かつて乱暴な先輩に入り身投げでしこたま投げられ、命の危険を感じる思いはしたことがあるのだが、（私は受け身が取れたので大事には至らなかった、）まさか自分の後輩によってこんな事態になるとは思ってもおらず、少し甘く見過ぎていたことは否めない。

]

私なんかの発言にそんなに影響力はないだろうとは思うのだが、その一方で、ひょっとしたら私の発言も間接的にその原因となっていたのかも知れない、とも思う。また、恐らく間違いなく、この「大事故」の「真の責任者」は、直接の「加害者」というよりはむしろ（当時の主将の横暴を黙認していた）（私を含む）私と同代の OB&OG 全てではなからうか？と今となっては思うのである。

そう考えると、尚一層のこと、被害に遭われた当時の一年生の方、およびそのご家族に対しては、どんな言葉を尽くしても尽くしきれないほど申し訳なく思っている。改めて、心の底からお悔やみ申し上げる。

その後、（関西を離れた為）クラブから遠ざかってしまった私には、毎年、『無心』（部誌）の近況報告用の返信ハガキに、オフレコで「稽古の際は、事故などを起こさぬ様にくれぐれも注意して欲しい」と書いて送り返すことぐらいしか出来なかったが、改めて、部員や OB&OG の方々にはくれぐれも注意して稽古に臨んで欲しいと思う。（決して安全対策は形骸化させてはならないし、部員一人一人が常に安全を意識してやってほしい。）それこそが、被害に遭われた方やそのご遺族への、最大の「償い」である。

- * 大学四年以降、後輩達の（特にコンパを盛り上げる芸や活動に関して）指導が行きすぎてしまった事。（覚えている限り二例あり：一つは二年下の（私が目をかけていた）後輩に対して（いつぞやの春合宿で）、もう一つは三年下の後輩に対して（昇段試験後のコンパで）。）いずれも弱腰だったので、ちょっとハツバを掛けねばと思って強要しすぎてしまった。（その時、（実際には心は冷静そのものだったが、）そのまま笑って許してしまうのは良くないと思い、怒ったふりをしていた。）私はあくまでも彼らのことを思ってそう振る舞ったつもりであったが、あの行為は今の世だったら間違いなくアウト（パワハラ認定）であったであろうし、今思うと、もっと本人の意向を尊重した方が良かったのではと反省している。被害者となった後輩二人には、心よりお詫び申し上げます。

- * 二年下の後輩達が幹部の時の春合宿で、私が派遣した二年女子（当時）が、主将（当時）を「攻撃」してる際、主将が二年女子の一人を「人質」に取って「盾」にした時に、私がついカチンと来てしまい、私自身が介入して主将を抑え込んでしまったことがあった。、、、ちなみに、これは私が人生で唯一、本気で怒った時でもあった。（他は、怒ったフリをすることは時々あったが、その際も実際には心の中は冷静沈着だった。）被害に遭われた当時の主将の潔さを欠いた行為は私にはあまりにも想定外であったと言うものの、

彼、および白けてしまった周囲の方々、には大変申し訳ないことをしたと思う。
心よりお詫び申し上げます。

- * 私が博士課程二年の時、素粒子物理の夏の学校で（当時、我々阪大は準備校だった）、
まだ受付開始時間前に人々が並んで待っているのを見て、独断で受付を開始してしまい、
自動車登録係など、多数の人々に迷惑をかけてしまった。
大変申し訳なかった。
（参加者達に）良かれと思ってやったことだが、周囲の当事者達への配慮が十分でなかったと、
心から反省している。

- * 同様に、夏の学校の準備校だった時、受付担当の長だった私は、
参加予約者の部屋割りを前もってやって現地に臨んだのだが、
その時、一つの宿をほぼ準備校専用にして宿泊者の数があまり多くない様な部屋割りにしていたところを、
現地に到着してから宿の側からの要請（苦情）を受けて、急遽、
（宿間でもっと公平に宿泊者が散らばる様に）部屋割りを変更することとなり、
結果、準備校の「留守番部隊」に余計な作業を大量にさせてしまい、
多大な迷惑をかけてしまった。
本当に申し訳なかったと思う。
今思えば、事前（たぶん部屋割りを実際に行う前）に宿側に部屋割りについて打診、確認していれば、
こんなことにはならなかった筈である。
心よりお詫び申し上げます。

- * 私が合気道部を現役引退してから数年後、
当時二（三？）年生の女の子が（同期の）彼氏に振られたと酒場で泣いているのを
元氣付けるつもりもあって「ようやくこれで俺も（彼女を）口説ける！！」と
冗談まじり（&本気混じり）で話したことがあったが、、、
その後、彼女に何もすることもなかった。
（そんなことはないと思うが）もしも、万が一、期待して待っていたとしたら、
がっかりさせてしまって申し訳なかったと思う。
彼女のことは大変好き（「お気に入り」と言った方が正確かもしれないが）だったのだが、
色々理由があってアタックは差し控えさせて頂いた：
（理由1）私は、（クラブ運営に（悪）影響を与えない為に）現役部員には手を出さないと決めていた；
（理由2）当時は（今に至るまでずっとだが、、、）研究が忙しくて女の子と付き合う時間がなかった；
（理由3）彼女は当時の OB 達に大変人気があったので、私がアタックでもしようものなら、
彼ら（特に私の先輩方）に半殺しにされ兼ねなかった！！
等々、、、どれも私にとっては突破し難い「厚い壁」だったが、一番厚かったのは理由3かも知れない、、、。

そのせいもあってか、
その後、彼女との間の空気もなんとなくギクシャクしたものとなってしまう、
彼女には不快感を与えてしまったかもしれない。改めてお詫び申し上げます。

- * 私が学振研究員として基礎物理学研究所に勤めていた頃、
合気道部の後輩の女の子（確か現役引退直後）を花火鑑賞に誘ったこと。
行為がちょっと軽率すぎた、もう少し下調べしていたら、、、と本気で反省している。
誘った女の子とその相手の男性には本当に申し訳ないことをした。
心よりお詫び申し上げます。
[
ただし、仮に一緒に花火鑑賞することになったとしても、彼女には指一本触れるつもりはなかったこと
だけは、述べさせて頂く。
（最初からそう言って誘っておけば良かったのかも知れないが、、、
却って失礼だったかも知れないし、やはり、誘うべきではなかったのであろう。
本当に申し訳ない！！）
]
[
ちなみに、彼女のことも本気で好きであり、だからこそ一緒に花火でも観ればいいなと思ったのだ。
]
]

＊ 居合道に関して。

私が学振研究員として基礎物理学研究所に勤めていた頃に、居合道を始めた。
居合の先生が「どうせ研究が忙しくて長続きしない」と乗り気でなかったところ、
「必ず続ける」と約束して始めたのだが、
京都での一年弱そして名古屋での三年ちょっと程は、忙しい合間を縫って稽古を続けて
二段まで昇段したのだが、
その後、三島に移ってからは、（本文でも述べる様に）あまりにも忙しくなり過ぎて
日常生活すら崩壊寸前の状況に陥り、稽古ができなくなってしまった。
お世話になった居合道の先生方や皆様方には、失望させる結果となってしまい、
大変申し訳なく思っている。（もはや合わせる顔すらない。）

[
京都や（その前の）大阪の時代のままだったら、必ず続けられた筈だったのだが、
その後、コンピュータの使用が必須の研究分野に移り、
コンピュータにどうしても慣れることができなかったため、この様なこととなってしまった。
すべて、「この様なことになる」と自分の将来を読み切れなかった私自身の責任である。
]

居合道の先生方、皆さん、本当に申し訳ありませんでした。

＊ （遺伝研時代初期）研究室で何かのお祝いパーティーの二（三？）次会のカラオケで、
私の失敗を思い切り侮辱した後輩の女の子に対し、「先輩後輩のけじめ」を教えようと思って
壁に押し付けてドスの効いた声を掛けた事。

（なお、この時も怒ったフリはしていたが、心の中は冷静沈着そのものだった。）
如何に相手が先に非道く侮辱してきたからとは言え、
ちょっとやりすぎてしまったかも知れないと反省している。
彼女には心よりお詫び申し上げる。
当時はまだ体育会の考えが抜けておらず、
体育会の「年功序列」の精神を一般人も持つべきだと考えたのがいけなかったのかも知れない。
また、今の世ではパワハラ、モラハラ等で訴えられかねない行為だった。

[
この様なことをしたのは、私の生涯においてこれが最初で最後だった。
]

ちなみに、彼女は「首を絞められた」などと主張している様だが、私は首など絞めておらず、
ただ、下顎の上から強く押しただけであるので、彼女は窒息やムセたりはしていない筈である。
（ひょっとしたら、そのせいで下顎付近にアザが出来てしまったとしたら、誠に申し訳なかったと思う。
しかしながら、もし本当に首回りにアザがあったとしたら、それは私の仕業ではない、と断言できる。
誰か他の人間がやったことであろう。）

[
そもそも私は合気道二段なので、もしも本気で似た様なことをするとしたら、
ピンポイントで頸動脈を抑えて気絶させた筈であり、
首を絞めて窒息させる等という未熟者のやることをしたりはしない。
（そして、合気道有段者の私が（命の危険にさらされた場合を除き）素人に技をかけることは決してない。）
]

（いずれにせよ、私はその時はシラフだったので、
彼女の命に関わる様なことは一切しなかった、と自信を持って言い切ることが出来る。）

とは言え、まだお互いによく知らない頃だったので、
彼女には計り知れない恐怖を与えてしまったかも知れない。
本当に申し訳なかったと深く反省している。

＊ 遺伝研時代（中期）の後輩に宛てた、警告のメール。

、、、 「脅迫」と受け取られてしまったとしたらまことに申し訳ない。
彼女の、周囲の研究者を振り回し、煽（あお）るような言動をみるにつけ、
（このままでは「流血の惨事」が起こり兼ねないと）
本気で心配になった為、警告させて頂いただけである。
私のボキャブラリーが貧困な為に、多少表現が乱暴になってしまった点については

心よりお詫び申し上げます。

ただ、すべて彼女のことを思ってやった事である点だけは分かって頂けたら幸いである。

私は彼女には、（私自身も目指している様に）

何でも自分で考えて解決する「独立した」研究者になって欲しかったのだが、

その思いが通じなかったのはいささか残念ではあった。

しかしながら、今思うと、各々がどの様な人間になるかは本人が決めるべき事であり、

その意味では私はちょっと彼女に干渉し過ぎたのかもしれないと反省している。

[

私自身は（コミュニケーション障害気味なので）

「何でも自分で考えて解決するタイプ」しか目指し様がないが、

大きな研究室やプロジェクトのリーダーとなる様な研究者の場合は、

適切にコミュニケーションを取って、様々な人々を適所に配備して動かす能力も大事である。

（ただしその場合も、（研究に対する）「明確なビジョン」を持ってなければ、

人々については来れないと思うが、、、

（結局、「ビジョン」は自分で考えるしかない、、、さもないと、単なる「剽窃」になってしまうから。）

彼女が目指していたのが後者のタイプだったとしたら、

私がしたことは「大きなお世話」だったのかも知れない。

もしそうだとしたら、まことに申し訳なかったと思う。

]

- * ○○さん（私の受け入れ研究室（遺伝研）の元秘書、私の「三島の母」）と泉さん（阪大合気道部指導員）の葬儀、法要に参列できなかった事。
当時体調が優れず、また、遠方に在住していた為、大事を取って差し控えさせて頂いた。
また、○○さんの時は、それでも参列しようとしたのだが、
丁度、私の母の葬儀と一回忌の間で、私が実家に礼服を置いて来てしまった為に
（それは、「もうこれ以上『不幸』は起きて欲しくない！」
と言う願いを込めてのことでもあったのだが、、、）
着ていく礼服がない状態となってしまう、また、
（当時住んでいた）飯塚近辺で礼服をレンタルしているところを探したが見つからなかった為、
断腸の想いで断念させて頂いた。
[代わりに香典などを郵送させて頂いた。]
せめて、その埋め合わせをする為、後日改めてお墓参りするつもりでいたのだが、
その後体調は徐々に悪化し、今では電車で東京に出るだけで気分が悪くなる始末となってしまった。
本当に無念である。

冥土で、○○さん、泉さん、それから（別の理由で葬儀、法要に参列できなかった）吉川先生
には一目だけでもいいからお会いし、直接お詫び申し上げたいと思っている。

- * 九工大に勤めていた時、他人に怒鳴りつけたり、色々と問題行動を起こした事もあったかも知れない。
被害に遭われた方々には心よりお詫び申し上げます。
ただ、この頃は、私の研究に関して様々な不穏なことが起きた時期であり、
また、健康状態もあまり良くなく（近いうちに死ぬかも知れないと本気で思っていた）、
精神状態が非常に不安定な時期であった。
願わくば、この様な事情をご考慮頂けたら大変ありがたい。

- * 私が（2016/09/30 の）引退直後に、
（自分の最新研究の紹介も含む）妙にハイテンションな近況報告を何人かの知り合いにした事。
妙にハイテンションだったのは、私がもうじき死ぬ決意でいることを悟られない為であった。
また、最新研究の紹介も、私が引退するのは、べつに「鳴かず飛ばず」だったからではない事を
分かって欲しただけである。（いわば、研究者としての「意地」である。）
[
もちろん、「同業者」の方々には、（私の研究は分子進化の根幹に関わるものである為、）
当然興味を持って頂けるだろうという自信も少なからずあったのだが、、、。
]
しかしながら、それらの方々には私の意図が正しく伝わらなかった様で、甚だ遺憾である。

[
思うに、私には「やっかみ」という感情がほとんどない
（言い換えると、他人の持っているものを特に欲しいとは思わない
（何故なら、「他人は他人、自分は自分」だから）
為にそれに配慮できなかった事が、主な原因だったのかも知れない。
]

これら近況報告で不愉快な思いをされた方々には、ここに改めて、心よりお詫び申し上げます。

- * 私がナルコレプシー様睡眠障害である事が判明するまでに、
色々ご尽力くださった私の実家の近所の某クリニックの先生や皆様方には大変感謝する。
また、判明前から後にかけて診療にあたってくださいだった東京の某私学付属病院睡眠センターの
先生や皆様方にも大変感謝する。
2020年に入ってから新型コロナ騒ぎの影響で私が通院出来なくなってしまったのには、
（数ヶ月もすれば収まるだろうと考えた）私自身の判断の甘さがあったのは否めない。
心よりお詫び申し上げます。
ただ、一応、薬に関して誤解ない様に説明すると、
実は、私は（薬を飲むとめまいを感じるのが嫌で、）年の変わり目前後から、
服用を完全に止めていたのである。
（それ故、通院しなくても済む様になった。他の病院、診療所で処方されてはいない
（そもそも通っていない）。）
しかし、最近では服用をやめてもめまいを感じる様になっているし、
夜8、9時を過ぎると非常に眠くなって研究（or 作業）はほとんど進まない。
（後者はひょっとしたら、服用を完全に止めたせいかも知れないし、
それとは無関係に病状が悪化したせいかも知れない。）
いずれにせよ、私が睡眠センターに通院するには、電車とバスを乗り継いで、
往復5時間近くかけねばならず、この時勢では新型コロナ感染のリスクがかなり高いし、
更には、電車に乗ってもめまいがするので、
通院はできたら避けたい、というのが本音である。
（「オンライン診療が出来れば、どんなに良いだろう」とは新型コロナ後は常に思っていた。）

某クリニックには、私が大野原に引っ越してからほとんど行かなくなってしまった。
大変申し訳なかったが、
これは、物理的距離が離れ過ぎて、歩いて通うのに要する負担が大きくなり過ぎたことと、
引っ越してから暫くして、（特に自動車や電車に乗ると）よくめまいを感じる様になった為である。

いずれにせよ、「病氣」とわかった事によって、「仮病」でも「精神がたるんでる」訳でもない
ことが判明し、私の自尊心は著しく向上した事は事実である。
改めて、睡眠センターと某クリニックの皆様方に、厚くお礼申し上げます。

- * 家族に、「今年（2020年）の7月末までにすべてを終わらす」と約束していたのにも拘らず、
（取り敢えず研究活動だけは「ひと段落つけた」以外は）終わらすことが出来ず、
その後、たびたび延長、再延長をお願いして結局二ヶ月以上経ってしまったこと。
多大な迷惑をかけてしまい、大変申し訳なかった。

ただ、これらの「約束」は、結果的に「嘘」となってしまった訳だが、
決して意図して嘘をついた訳ではなく、
その時は本気でそれ（設定した期限）までに終わらせるつもりでいた
事だけはご理解頂けたら幸いである。

思うに、私は、この「**（特に時間的な）見積もりの甘さ**」のせいで、
これまで、特に人生後半には、数多くの方々に迷惑をおかけしたし、
また、そのせいで信用を大いに失うことにつながった様な気がする。
一般的には、原因は恐らく三つあったと思う：

- （1）仕事（作業）量の過小評価；
- （2）自分の能力（コンピュータ操作や一般の作業処理の速度等も含む）の過大評価；
- （3）持病の影響（実際に仕事や作業に使える時間の減少等）の過小評価。

[ちなみに、（2）と（3）は密接に関係する。]

私自身の感覚では、ほぼいつも（１）が甚だしく、（２）は多少見られ、（３）はここ最近になって特にひどくなって来た、印象がある。
いずれにせよ、「**正確な時間的見積もり**」は、**信用の形成には欠かせないので**、人生のどこかの時点で身につけておくべきだったが、常に仕事に追われている「自転車操業」的な状態でなかなかそこまで意識が及ばなかった、というのが正直なところである。

改めて、ご迷惑をおかけした皆様方に、心よりお詫び申し上げます。

補遺B：懺悔（ざんげ）（研究関連）

ここでは、研究に関連した「罪」を覚えている限りすべて挙げて、この場で懺悔させて頂く。
（ただし、論文絡みの「不正」についての考察は、「論文に絡む『不正』の可能性」で行うので、ここではそれ以外とする。）

- ＊ 私が大阪大学大学院博士課程の2年だった時、
我々大阪大学が素粒子物理の夏の学校の準備校になっていた。
どうやら参加費等の予算からは準備校のスタッフへの（交通＋宿泊費等の）旅費は賄われない様だったので、
旅費は、（確か）素粒子論グループの各研究室で学会や会議参加用にプールしてある
お金からできるだけ賄い、
あと数人分、足りない費用を（当時、学振研究員（DC）だった）私の科研費から
「謝金」という名目で使って、賄うこととなった。
これは、厳密に言うと、当初の目的（自らの研究に係る用途）とは異なる
用途での「流用」であり、また、「謝金」という名目も厳密には「虚偽申告」にあたるため、
「不正」を働いたことになる。
旅費が賄われない仲間の「救済」のためとは言え、「不正」を働いてしまったことは
いけないことであり、ここに改めて、学術振興会そして国民の皆様方に、お詫び申し上げます。
- ＊ 同様に、（私の記憶が正しければ、）
私が京都大学基礎物理学研究所（基研）に学振研究員（PD）として勤務していた時、
学生（研究生？）に「謝金」の名目で交通費を補助してあげたことがあった（筈である）。
これも上記同様、不正なので、改めて、学術振興会そして国民の皆様方に、お詫び申し上げます。
[
しかしながら、科研費予算が余りそうだったので、必要もない文房具などを大量に買うよりは
有効なお金の使い方がないかと思ってやった事だった様な気もする。
出来れば、余ったお金は次年度に持ち越したり返還したりするのを可能にする等、
柔軟な運用ができる様になっていればよかったのだが、、、。
]
[
ちなみに、私は、2、3年目には、学振研究員（PD）に割り当てられた科研費額より
かなり（30もしくは60万円程？）少なく申請したが、それでも使い切るのは大変だった。
]
＊ これも私が学振研究員（PD）だった頃、科研費で購入した学術関係の書物の一部を、
学振の期間が終わった後でもう必要ないと判断し、古本屋に売却して換金したことがあった。
これがアウトなのかセーフなのかはよく分からないが、もしアウトだったとしたら
大変申し訳ないことをしたとお詫び申し上げます。
- ＊ 私が阪大大学院で学振研究員（DC）の1年目の時、
科研費で数式計算ソフト、Mathematica、を購入したが、

私自身は使うことなく、研究室の備品の様になってしまった。
同様に、私が基研で学振研究員（PD）の1年目の時、
科研費でノートパソコンと数式計算ソフト、Mathematica、を購入したが、
やはり私自身は使うことなく、気づいたら、当時の学生の1人の「持ち物」の様になってしまった。
これらも厳密に言えば、申請時の目的とは外れた用途と言えるので、
「不正」にあたると思う。
ここに改めて、学術振興会そして国民の皆様方に、お詫び申し上げます。

- * 私が基研での学振研究員（PD）の期間を終えて以降、
（UH で申請して reject された NIH 助成金以外は）
助成金等を申請したり交付されたりすることは一度もなかった為、
助成金絡みの不正は起こし方がなかった。
しかしながら、私が指導教官、受け入れ教官を通じて受け取っていたお金の中には
ひょっとしたら不正な手段、経路で交付されたお金があったかも知れない。
もしそうだとすると、私は知らず知らずのうちに「不正」に加担していたこととなる。
もしそうだったら、ここに慎んでお詫び申し上げます。
- * 基研での学振研究員（PD）の3年目は、実はあまり業績が振るわなかった。
それは、一つには、その時の研究テーマ（Wilson loop を用いた量子色力学（QCD）の非摂動論的量子化）
が一筋縄では行かなかったせいもあるが、
もう一つには、私が既に、（学振の期間終了後に）生命科学方面へ「分野転向」することを念頭に置いていた為に、
研究に十分集中できなかったせいもある。
そんな私を我慢して置いて下さった受け入れ教官の二宮正夫博士には心より感謝しているが、
今思うと、分野転向を決めた時点で学振研究員を辞めるべきだったのではないかと反省している。
当時それに思い至らなかった事は、大変申し訳なかったと思う。
- * 国立遺伝学研究所での（仮称）ゲノムワイド遺伝子相互作用網プロジェクト（GGINP）での「業績不振（？）」
確かに、（仮称）GGINP で十分な研究成果を出して論文として発表できなかったのは極めて遺憾だし、
申し訳なかったと思っている。
、、、しかし、これが本当に「全て私のせい」だったのだろうか？には疑念を感じざるを得ない。
（詳細は「私に起こった出来事」参照。）
- * 私が2011年に UH でのプロジェクトを終える頃、
大分大学のとある博士のとある細菌ゲノムに関するプロジェクトに参加するように誘われた事があった。
私はそのプロジェクトにはそれなりに興味はあったのだが、断った。
博士、そして私を彼に紹介した受け入れ教官（遺伝研）にはまことに申し訳なかったと思っている。
しかしながら、
仮にプロジェクトに参加することになったとしても、
私は恐らく彼の期待通りには動けず、却って迷惑をかけてしまうことは分かっていた。
それまでに、（GNP や UH での経験により、）私のバイオインフォマティクスの専門技能は
三流以下だと言う事を思い知らされていたからだ。
それに、（人とのコミュニケーションが非常に苦手な）私は、参加人数が4人を超えるプロジェクト
ではうまく立ち振る舞うことが出来ないこともわかっていた。
だから、私が参加してプロジェクトを台なしにするよりは、
もっと適任な人物に参加してもらった方がずっと生産的だと判断して、断ったのである。
恐らく私が参加していたら、受け入れ教官（遺伝研）も私が断った時以上に体面をつぶす結果となった筈である。
断る際には少し強がった発言もしたかも知れないが、それは、弱気な発言をすると、
そこで（研究者としての）キャリアが終わってしまうと思ったからである；
私は、吉川圭二博士との「約束」を果たすまでは、研究を辞めるわけには行かなかったのだ！！
私の強がった発言で気分を害されたとしたら、それについては心よりお詫び申し上げます。
しかしながら、（プロジェクトを台なしにしないために断った）私の真意も察して頂けたら幸いである。
[
そして、バイオインフォマティクスの専門技能は三流以下と思い知った私は、その後、
いわば「最後の手段」として、私の（数理的）理論的能力を最大限に生かした研究へと
シフトして行くこととなった。
、、、振り返ってみれば、遺伝子変換の研究でも、
数理的な側面が多分にあったからこそ私でもうまくいったのであり、
純粋なバイオインフォマティクスだったら失敗していた可能性が高い。
]
- * 私が2013年に総研大葉山から九工大に移る際に、葉山の方々に宣言した、少し挑発めいた言葉：

「、、私は満塁ホームランを打ってやる！！、、」云々、
に対し、気分を害された方もおられたかも知れない。
私としては、ただ単に、普段から心の中に思っていた事を、敢えて言葉にして公表することにより、
自分を（研究を成し遂げられなければ恥辱的な状況に陥ってしまうという意味での）
「崖っぷち」あるいは「背水の陣」に追い込み、
研究推進の原動力にしたかっただけなのだが、、
もしもこれらの言葉に対し、お腹立ちになったとしたら、今、改めてお詫び申し上げる。
挑発的な言葉を残して、まことに申し訳なかった。
（でも、そのおかげもあって、分子進化学を正しい方向へ発展させる「新たな道」を切り拓けた、
と自負している。）

- ＊ 私が2013年に受け入れ研究室（九工大）に移ってから、
受け入れ研究室（遺伝研）への留学生の研究の面倒を見る様に頼まれたことがある。
私は、（自分に残されたわずかな時間を考えると）そんな時間はとてもないと思ったが、
他ならぬ斎藤博士の頼みだったので、仕方なく引き受けた。
しかしながら、その留学生は、一々私の助言に逆らい、別の仕方ばかりやったので、
もう私の「出る幕」はないと思い、大変申し訳ないとは思ったが、
指導（手伝い）を放棄させて頂いた。
あれは、私にはどう見ても、私の研究活動の妨害をしている様にしか思えなかった。
[
しかも、「誰か」が裏で入れ知恵している様にすら思えた、、
、、、だったらその「誰か」が初めから指導すれば良いのだ。
]
私は当時、自分の研究時間を出来るだけ確保する為に、わざわざ、
教育とは全く関わりのない、低賃金の立場に就いていたので、
それを台なしにする様な輩は誰であっても許せなかった！！
別れ際にちょっと失礼な言葉が飛び出したかも知れず、
それで気分を害されたのならそれに関しては慎んでお詫び申し上げます。
しかしながら、こちらの気持ちも察して頂けたら幸いである。

「世界はお前を中心に回っているのではない！」「相手のことも考える！」
とか言われそうであるが、
その類のセリフはそっくりそのままそちらに返させて頂く。

こちらだって（体調も待遇も悪い中）必死だったのだ！！
もう少しこちらの事情も勘案されても良からう！
[
それに、その留学生には、私の（もう私自身はやらないだろうと思われる）
研究プロジェクトの一つ（重複遺伝子の進化関係）の提案書の草稿をプレゼントした。
それだけでもあり得ないくらいの「出血大サービス」である。
それを彼女が1人でモノに出来たならそれでよし；
できないのなら、一々反抗しなければよかったのだ。
]

- ＊ 同じく私が受け入れ研究室（九工大）に属していたある日、
研究室の学生の1人が「もっと学生の面倒を見て欲しい」と頼んだことがあり、
私は非常に申し訳ない気持ちで胸が甚だ痛んだ。
しかしながら、私の立場も考えて欲しかった。
そもそも、何故、私が学生達から「隔離」された状態にあるか？という事だ。
恐らく、表面上の理由として「研究に集中してもらう為」等と聞かされていたのかも知れないが、
それは嘘で、私の「読み」では、受け入れ教官の「真意」は別のところにある：
つまり、私が学生に「（教授にとって）要らない入れ知恵」をしない様に、という事である。
言い換えれば、教授は私に学生の面倒をみて欲しくはないのだ！！
もう一つ、もっと形式的な理由としては、
私の契約にある「職務」には教育は含まれていない、というのがある。
私のはるばる九工大にやって来たのは、研究の為であって教育の為ではない。
そして、限られた時間の中で研究をできるだけ先に進めねばならなかった。
[
それに、コミュニケーション能力に欠ける私がどれだけ学生を教育できるかも疑問である。
]
その様な訳で、大変心苦しいながらも、学生の面倒を見る訳にはいかなかったので、

気持ちを察して頂けたら幸いである。
こういった事情があったとは言え、面倒を見てやることが出来ず、
学生の皆さんにはまことに申し訳なかった。

- * 私が2016年9月末をもって九工大の職を退き、「現役研究者」を引退してからまもなく、
受け入れ教官（遺伝研）の還暦祝いの研究会&パーティがあった。
そこで、かつての後輩の1人が博士論文の核であった研究の論文を書いて投稿したいみたいなことを
言っていたので、私は体調がすぐれないながらも手伝いをする約束をした。
そして、取り敢えずその主題（二つあって、一つはドメイン組み合わせの進化、
もう一つは intrinsically disordered regions の進化）についての
（彼女の博士論文から）最近10年間の動向を調べる為、
彼女が検索して来た総説を何本か読んでみて、それらに関する知見が既にかなり進んでおり、
ただ単に当時の解析を（更新されたデータベースで）やり直した程度では
論文として accept されそうにない、と判断し、彼女にそう伝えた。
この時に抱いたのは、
「何故、彼女は今まで論文を仕上げずにいたのか？」
という強い疑問だった。
私の感覚では、博士論文を書いた直後（あるいはその前）に論文を仕上げて入れば、
それなりのインパクトを持った良い研究になった筈であり、大変もったいないと思った。

私の（恐らくもうやることの無いであろう）「蔵に眠った」テーマのうちの一つ（重複遺伝子関係）
でも提供しようか、とも考えたが、
多分、興味のベクトルがかなり違う為、彼女はやる気にならないだろうと思ったので、
代わりに、新たなテーマを彼女自身に考えてもらうことにした。
すると、まだ洗練する必要はあるものの、
ドメイン組み合わせの進化に関し面白そうなアイディアを出して来たので、
激励して更に考えを進めさせた。
すると、彼女が簡単な問題の解決策（恐らく彼女は適切なソフトウェアがあるか知っていた）
について尋ねて来たが、
既存ソフトウェアに関する知識の乏しい私は、
代わりに、「Perl を使ってその問題を解くプログラムは簡単に書ける」と助言した。
まあ、本当は私自身が書いてあげても良かった
（恐らく、プログラミングとテストで2、3日もあれば十分だったと思う）のだが、
私はじきにこの世からいなくなる予定だから、
私がいなくなっても難儀しない様に、ここで、彼女の「問題自己解決能力」を高めておこうと思い、
少しだけ（ちょっと複雑なデータ型についての）ヒントを与えて、
彼女自身がプログラムを書くことを期待した。
これがうまくいけば、今後、彼女がもう一つ、二つ、論文を書きたいと思った時に
（既にこの世にいない）私に頼らずともどうにかできるだろう、と思ったのだ。
しかしながら、期待に反して、彼女からの「解答」は来なかった。
せめて、「どこどこが分からないからどうしたら良いか教えてくれ」みたいな SOS が来れば
答える（あるいはヒントを提供する）心の準備はしていたのだが、それもなかった。
それで、私は、もう私の力だけではどうしようもない事を悟った。

その後も彼女からは時々メールが来たが、
研究論文に関する進捗報告は姿を消し、
（研究会も含む）受け入れ研究室の最近の活動などの PR みたいなものばかり寄こすようになった。
私はその頃には、電車に乗って東京に出るだけでもめまいがしたりして気分が悪くなるくらいまで
病状が悪化していて、
当然ながら三島に行くことはもうできないので、そんな PR には全く興味がなかった。
更には、私の様子を探る質問を必ずの様に入れて来たので、
私は彼女が研究室の「密偵」に成り下がったことを悟った。
（当然、質問にはまともに答えなかった。）
彼女は、他のギラギラした学生達とは違い、他人の成功も自分ごとの様に喜び、
また、私に「お供え物」と称してお菓子や酒のつまみを差し入れてくれたりする、
心優しい、澄んだ心の持ち主だった。
（当時は、能勢慶子さんを彷彿とさせる、その純粋な瞳が却って怖かった。）
人は、時を経るとこんなにも変わるものなのか、、、
こういうのを「朱に交われれば赤くなる」というのだろうか、、、と思った。

メールにはまた、数学の訓練を続けている等とも書かれていたが、

彼女が今更中途半端に数学を身につけてもそれは（科学研究をする際の）「武器」にはならないだろう、
と思った私は、返信のメールで、
（数学にせよ、IT系の技術にせよ、）専門知識、技能を身につけるには、
（最低でも数年間、通常は10年以上の）かなりまとまった期間にわたる真剣な努力が必要だ
ということ（かなり強い調子で）教えた。
これにより、彼女が（研究を）きっぱり諦めて、自分の進むべき道を進むならそれでよし、
もし、「必ず見返してやる！」と発奮して、死に物狂いで努力するなら、それもまたよし、
とにかく、今（当時）の様に、中途半端な状態で「なんとなく」研究にしがみついているのが
一番いけないのだ。

この一件で、彼女を傷つけてしまったのだとしたら、それは非常に申し訳なかったと思う。
しかしながら、かと言って、適当に優しい言葉をかけて、
「ぬるま湯」に漬けたままで放置しておいても、それは彼女の為にはならない。
私は彼女の為を思うからこそ、心を鬼にして、「現実の厳しさ」を教えたのだ！！
、、、彼女にはきっと幸せになって欲しいものである。

- ＊ 受け入れ教官（遺伝研）の還暦祝い以降（前から？）、
何故か受け入れ研究室の（元）メンバーの態度が冷たく（あるいはよそよそしく）
なったのを肌で感じた私は、恐らくそのうち最低でも数人は「敵方」に回っただろう、
と思い、誰がそうなのかを見極める目的で、研究室の密偵を「逆利用」し、
「連中は、科学の黒歴史に名を刻むことになる LOL」
等、心に動揺を与える言葉を何回か（研究室（元）メンバーおよびその周辺（？）に）流した。
[注：
一般に、私は他人の陰で、その陰口をたたいたり、
コソコソとその活動を妨害したりする様な輩は大嫌いである。
（そもそも、本人に聞こえない様な陰口を言っても、
それはその人の行動を改めるきっかけにはなり得ない。）
今回、私が流した動揺を与える言葉は、
（そもそも具体的に誰がそうかわからない状況で、しかも）複数に伝えなければならなかった為、
止むを得ずこういう手段を取ったが、
密偵を通じて「筒抜け」であることは織り込み済みだったので、「陰口」ではない筈である。
従って、私は自分の主義には反していないと確信している。
]
その結果として、
私の研究の遂行あるいは普及を妨害している（と疑われる）
具体的な人物を少なくとも数人は特定できた。
（具体的に名前を挙げることもできるが、ここでは差し控えて頂く。）
、、、彼（女）らはこれから、文字通り、「科学の黒歴史」に名を刻む事となる。

しかしながら、もしかしたら、
その（言葉を流された）中には全く悪意のない人達も混じっていたかも知れない。
もしそうだとしたら、「とぼっち」を食らわせて、不快な思いをさせたことに対し、
心よりお詫び申し上げる。

[
素粒子物理の実験手法として、
「深.非弾性.散乱」（deep inelastic scattering）というものがある。
これは、簡単に言ってしまうと、強粒子（陽子や中性子等）の
内部構造（特に、クォークの存在や振る舞い）
を調べる為に、その強粒子に電子などを高エネルギーでぶつける実験である。
ここで大事なのは高エネルギーでぶつけることで、
低エネルギーでぶつけても、（内部構造については）ほとんど何もわからない。

私は、人間についても同様なことが言えると思う。
ありきたりな、耳障りの良い言葉を投げかけただけでは、その人の「本性」は露わにはならない；
その人の「本性」を知るには、心に動揺を与える様な「強い」言葉を投げかけるのが、一番有効なのだ！！
（これは、「外ヅラ」ばかり良くて、肚の中はどす黒いタイプの人間には、特に当てはまる。）
]

補遺C：論文に絡む「不正」の可能性

ここでは、「補遺I：論文リスト」 にリストされた論文に絡んだ「不正」の可能性に関して検討する。

ちなみに、論文からみの「不正」というと、代表的なのは、
「データの捏造、改ざん」および「authorship（著作者であること）の贈収」であるが、

私はデータ捏造、改ざんをしたことがないと自信をもって主張できる。
（だからこそ、度々上司や指導教官の怒りを買ひ、左遷や島流しを被り続けたとも言える。）

[
疑っている人は、
私の実験／解析データおよび／もしくはそれらを生成したプログラム（Perl スクリプト）を精査してみるがよい。
]

[
一つだけ断っておくと、シミュレーション解析等では、
通常、（ほぼ同一の条件の下で）2組のシミュレーションデータを生成し、
1組を（プログラムなどの）パラメータ調整（あるいは学習）に用い、
もう1組を性能テスト等に用いる。
しかしながら、私は、締切までの時間が足りない時などは、
1組のシミュレーションデータでパラメータ調整と性能テストを行うことは時々あった。
これだと、理論上、性能を示す値が多少高めに仕上がちであるが、
シミュレーションデータが大量である場合はその様な差はほとんど無視できるくらいであろうし、
ある研究（17、や19、等）ではシミュレーションデータの組を成す複数の「成分」は様々な条件の下で
生成されているが、どの「成分」でも同様の結果（結論）を（同一のパラメータを使って）得ていたので、
通常の慣例に従っても恐らく結論は変わらなかったであろう。
]

そこで、以下では、「authorship の贈収」も含めた authorship の問題に絞って検討する。

[注：ここで私は単に（私の知る）真実について粛々と冷静かつ客観的に記述しているだけであり、
決して自慢したりホラを吹いたりしている訳ではないことを、申し添えておく。]

[
参考までに、今日の生命医療関係の学術雑誌での国際標準となっている ICMJE
(International Committee of Medical Journal Editors、医療関係学術雑誌国際委員会) の勧告
(<http://www.icmje.org/recommendations/browse/roles-and-responsibilities/defining-the-role-of-authors-and-contributors.html>)
で規定された authorship の4つの基準（criteria）は以下の通りである：

1、当該研究の構想や設計への十分な貢献；もしくは当該研究の為のデータの獲得 (acquisition)、解析あるいは解釈；

そして、

2、当該研究の論文の草稿を書く事、
もしくは草稿を書き直してその重要な知的内容に重大な追加／削除／変更を施す事；

そして、

3、雑誌掲載されるバージョンの最終的な承認；

そして、

4、当該研究のいかなる部分でもその正確さあるいは無欠さ（integrity）に関する問題点が持ち上がった時に、
それが適切に調査され解決されることを保証する為に、

当該研究のすべての側面に対する説明責任を果たすことへの同意。

なお、その下の文では、

「これら4つの基準のどれかを満たさない貢献者達は、著者に指定されるのではなく、謝辞に記載されるべきである。」と述べている。

また、COPE (Committee on Publication Ethics、出版倫理委員会) の authorship に関するガイドライン (<https://doi.org/10.24318/cope.2019.3.3>) でも述べられている様に、

今日の国際的常識としては、それだけでは authorship の基準を満たさない貢献には以下のようなものがある：

当該研究の(財政的その他の)支援、一般的な助言や訓練 (general mentoring)、データ収集 (collection)、研究コーディネータの役を果たす事、その他関連した活動 (論文の知的内容に触れない編集等を含む：詳細は上記ガイドライン中でリンクされたサイトを参照)。

]

< 大阪大学大学院理学研究科時代 >

[2+1 次元 Einstein 重力 (Chern-Simon 重力) 理論の非摂動論的量子化]

1. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Oct). "TRANSITION AMPLITUDE IN (2+1)-DIMENSIONAL CHERN-SIMONS GRAVITY ON A TORUS." Int J Mod Phys A. 09(27):4727-4745. (DOI: [10.1142/s0217751x94001898](https://doi.org/10.1142/s0217751x94001898))

2. Kiyoshi Ezawa. 1994 (May). "Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions." Phys Rev D. 49(10):5211-5226. (DOI: [10.1103/physrevd.49.5211](https://doi.org/10.1103/physrevd.49.5211))

3. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Aug). "Addendum to 'Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions'." Phys Rev D. 50(4):2935-2938. (DOI: [10.1103/physrevd.50.2935](https://doi.org/10.1103/physrevd.50.2935))

4. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Feb). "Chern-Simons quantization of (2+1)-anti-de Sitter gravity on a torus." Class Quantum Grav. 12(2): 373-391. (DOI: [10.1088/0264-9381/12/2/007](https://doi.org/10.1088/0264-9381/12/2/007))

5. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Nov). " 'MODULI SPACE' OF ASYMPTOTICALLY ANTI-DE-SITTER SPACE-TIMES IN 2+1 DIMENSIONS." Int J Mod Phys. A. 10(29):4139-4160. (DOI: [10.1142/s0217751x95001911](https://doi.org/10.1142/s0217751x95001911))

6. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Jan). "Combinatorial solutions to the Hamiltonian constraint in (2+1)-dimensional Ashtekar gravity." Nuclear Physics B. 459(1-2):355-390. (DOI: [10.1016/0550-3213\(95\)00557-9](https://doi.org/10.1016/0550-3213(95)00557-9))

7. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Feb). "MULTI-PLAQUETTE SOLUTIONS FOR DISCRETIZED ASHTEKAR GRAVITY." Mod Phys Lett A. 11(05):349-356. (DOI: [10.1142/s0217732396000394](https://doi.org/10.1142/s0217732396000394))

[3+1 次元 Einstein 重力理論 (Ashtekar 形式) の非摂動論的量子化]

8. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Semiclassical interpretation of the topological solutions for canonical quantum gravity." Phys Rev D. 53(10):5651-5663. (DOI: [10.1103/physrevd.53.5651](https://doi.org/10.1103/physrevd.53.5651))

9. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Ashtekar's Formulation for N = 1, 2 Supergravities as 'Constrained' BF Theories." Progress of Theoretical Physics. 95(5):863-882. (DOI: [10.1143/PTP.95.863](https://doi.org/10.1143/PTP.95.863))

10. (総説) Kiyoshi Ezawa. 1997 (Jul). "Nonperturbative solutions for canonical quantum gravity: An overview." Physics Reports. 286(5):271-348. (DOI: [10.1016/S0370-1573\(96\)00051-8](https://doi.org/10.1016/S0370-1573(96)00051-8))

(検討)

大阪大時代に執筆した論文に関しては、

紛れもなくすべて私が発案、計算、論文の草稿執筆をしたものである。

しかしながら、いくつかの論文に関しては、

指導教官らとの共著にすべきだったかどうかには (今となってみると) 私自身少し疑念はある。

まず、私が Ashtekar 形式を研究テーマとしたのは吉川圭二博士らとの度重なる議論の末だったことを考えると、最初の1、2、あたりは吉川博士に共著者になって頂くべきだったのかもしれないと思う。

また、この大阪時代の研究の土台 (の大半) となったのは、当時助手 (現在の助教に相当?) だった国友浩博士が

行った Ashtekar 形式関係の講義であるし、
また、彼には度々カギとなる論文を教えて頂いたりした。
そう考えると、特にその恩恵を受けたと思われる、1、8、9、辺りに関しては
彼との共著にすべきだったのかも知れないと今では思う。

それに加え、当時助教授（現在の准教授に相当？）だった糸山浩（？）博士には、
最初の1、～4、くらいまでの論文に関し、当時ひどかった私の英語を
かなり手厚く（？）添削して頂いた。
単なる英文編集（添削）は、謝辞（Acknowledgments）に記述するのが通常であるが、
特に最初の1、に関しては、原型を留めないくらいまで直されたので、
共著者になって頂いても良かったのかもしれないと今では思ったりもする。

ただ、当時の私は右も左も分からない「ひよっ子」で、
また、当時の吉川研では学生やポスドクが自分（達）だけで論文を出すことが
日常茶飯事の様に行われており、
私もそれを真似て自分だけを著者として論文の草稿を書き、
それを吉川博士、国友博士、糸山博士らに見て頂いたのだが、
誰も authorship に関してはコメントしなかった（もちろん苦情もなかった）ので、
そのまま、私の単著論文となってしまった次第である。
（あまりにも「世間知らず」な私であった。）

（でも、これらの疑念は、素粒子論と（とりわけ日本の）生命科学系との間の
authorship に対する意識の違いから生じているのかも知れない。）

しかしながら、当時もう少し私の英語力が達者だったら、
謝辞（Acknowledgments）でもっと彼らに手厚くお礼を申し上げられたのに、、、
と思うと少し後悔はある。
（当時の私の謝辞はほとんど典型的な決まり文句だけであった。）

< 基礎物理学研究所（基研）時代 >

[超弦理論関連（2次元超重力理論の量子化）]

11. Kiyoshi Ezawa, Atsushi Ishikawa. 1997 (Aug). "Osp(1|2) Chern-Simons gauge theory as 2D N = 1 induced supergravity." Phys Rev D. 56(4):2362-2368. (DOI: [10.1103/physrevd.56.2362](https://doi.org/10.1103/physrevd.56.2362))

(検討)

この論文に記述されている研究は、
石川温博士に誘われて始めた2次元超重力理論関連の研究から少し派生的に発生した研究で、
この研究自体をどちらが発案したかは覚えていない。
ただ、私の記憶が正しければ、
論文中の計算はほぼ全て私がまずやってから石川博士がチェックし、
論文の草稿もまず私が書き上げてから石川博士がチェックを入れていた様な気がする。
いずれにせよ、
石川博士の誘いがなければこの研究もあり得なかったし、
私の阪大時代の Chern-Simons ゲージ理論の経験がなければこの研究は完成しなかった。

そういう意味では、
この論文の authorship は、（どちらが第一著者でどちらが最終著者であるかも含めて）
適切だったと言えよう。

[超弦理論関連（M-理論の行列正則化）]

12. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Aug). "Lorentz Symmetry of Supermembrane in Light Cone Gauge Formulation." Progress of Theoretical Physics. 98(2):485-505. (DOI: [10.1143/PTP.98.485](https://doi.org/10.1143/PTP.98.485))

13. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Oct). "BPS configuration of supermembrane with winding in M-direction." Physics Letters B. 412(1-2):47-52. (DOI: [10.1016/s0370-2693\(97\)01043-5](https://doi.org/10.1016/s0370-2693(97)01043-5))

14. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Apr). "Matrix regularization of an open supermembrane: Towards M-theory five-branes via open supermembranes." Phys Rev. D. 57(8):5118-5133. (DOI: [10.1103/physrevd.57.5118](https://doi.org/10.1103/physrevd.57.5118))

15. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Oct). "Matrix model for Dirichlet open string." Physics Letters B. 439(1-2):29-36. (DOI: [10.1016/s0370-2693\(98\)01017-x](https://doi.org/10.1016/s0370-2693(98)01017-x))

(検討)

まず最初に断っておくと、

これら4つの論文(12、— 15、)の著者名はアルファベット順にならべただけである。

これら一連の研究は松尾泰博士の発案からはじまり、

彼が監督的な役割を演じているので、

通常の慣例に従うならば、松尾博士が最終著者であるのがふさわしいと思う。

そうすると、あとは、どちらが第一でどちらが第二か?ということになるが、、、

12、については、恐らく私の計算的寄与の方が大きいと言えば大きい筈だが、
2人とも同程度苦労はしているので、
私と村上弘一博士の両方が第一著者に相当すると捉えるのが適当かも知れない。
ただし、この論文に関しては、本人が望むならば松尾博士が第一著者だったとしても違和感はない。

[

(私の記憶している範囲で)補足すると、

この研究は松尾博士の発案により、

まず、計算の主要部分を松尾博士が作成した MAPLE プログラムにかけ、

計算の補足的部分を私が手計算で済ませた後、

3人で手分け(ほぼ3等分)してMAPLE プログラムの出力を処理して

総和がゼロになることを確かめた。

(私の感覚では、この最後のプログラム出力の処理が非常に苦労&消耗した。

恐らく他の2人も同様に感じているだろう。)

]

13、については、(3人での議論の中での)村上博士の発案から始まったのだが、
計算に関しては恐らく私の寄与の方が大きいので、
これはその立場(考え方)によって、どちらも第一著者になり得ると思う。
(従って、ここでもやはり、両者を第一著者相当とするのが適当かも知れない。)

(**12**、と**13**、は確か松尾博士が第一稿を書き上げ、私と村上博士がチェックしたと思う。)

14、は、私の発案から始まり、私がほとんどの計算を手がけ、第一草稿まで書き上げた後で
2人に(計算および文章を)チェックして頂いたので、
私が第一著者相当だと自信を持って言える。
ただ、松尾博士と村上博士のチェックも重要で、
とりわけ、この研究の欠点(交換関係の破れ)の松尾博士による救済案がなければ
論文が円滑に accept されてなかったかも知れないので、
2人の authorship も正当であると言える。

15、に関しては、発案(あるいは提案)は松尾博士で、計算はほぼ全て村上博士が行っており、
正直に申すと、私は計算解析自体にはタッチしていないし、
第一草稿は(確か)村上博士が書き上げた筈である。
(だから、紛れもなく、(私ではなく)村上博士が第一著者にふさわしい。)
しかしながら、私は、この研究の**14**、との類似点を最大限に利用して、
論文中の冗長な部分をできる限り削って letter のサイズにまで凝縮(単なる縮小ではない)
するのには貢献した。(それ以外は何もしていない。)
あとは、これをもって、authorship (どうひいき目に考えても第二著者止まりだが、、、)
に値するかどうかの判断は、松尾博士と村上博士に委ねることとなる。
(どう判断されても、私は真摯に受け入れる。)

<名古屋大学大学院理学研究科物理学教室時代>

[光合成における励起移動機構]

authorship 云々に関しては、雑誌掲載論文がないので割愛する。

ただし、結果が自分達(正確に言うと指導教官)の望むものではなかったからといって

論文にして発表することをしなかったのは、反省すべき点として残る。
本来は、どんな結果であれ、発表し記録に残すことが、学界全体の理解を深め、
分野の正しい発展を後押しすることになるからだ。
そう思うと、これも「マイナスポイント」に加算されるべきなのかも知れない。

< 国立遺伝学研究所時代 >

[他研究室の“手伝い”]

(注)

以下2つの論文では、私と斎藤博士、もしくは隅山博士、は、
他の研究グループの論文の「一成分」を担当しただけなので、
他の著者の authorship についてとやかく言う立場にはない。
そこで、我々自身の authorship についてのみ検討する。

16. Kuniya Abe, Hideki Noguchi, Keiko Tagawa, Misako Yuzuriha, Atsushi Toyoda, Toshio Kojima, Kiyoshi Ezawa, Naruya Saitou, Masahiro Hattori, Yoshiyuki Sakaki, Kazuo Moriwaki, Toshihiko Shiroishi. 2004. "Contribution of Asian mouse subspecies *Mus musculus molossinus* to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence SNP analysis." *Genome Research*. 14:2439-2447. (DOI: [10.1101/gr.2899304](https://doi.org/10.1101/gr.2899304))

ここでは、私と斎藤博士は、マウスとラットの分岐年代および進化距離との比較による
マウスの2亜種 (*domesticus* と *molossinus*) の分岐年代の推定 (確認)
を担当した。(斎藤博士が監督で私が実働部隊。)
その結果については、論文の本文および補助資料中にも明確に記述があり、
記述自身も我々の文章を元に行っているため、我々の authorship にも正当性はあると信じる。

18. Masaru Tamura, Shigekazu Tanaka, Tomoaki Fujii, Aya Aoki, Hiromitsu Komiyama, Kiyoshi Ezawa, Kenta Sumiyama, Tomoko Sagai, Toshihiko Shiroishi, 2007 (May). "Members of a novel gene family, *Gsdm*, are expressed exclusively in the epithelium of the skin and gastrointestinal tract in a highly tissue-specific manner." *Genomics*. 89(5):618-629. (DOI: [10.1016/j.ygeno.2007.01.003](https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2007.01.003))

研究チームの要請により、隅山博士と私は共同作業により、
gasdermine (*Gsdm*) 遺伝子族の相同配列の探索を拡張し、
それから、相同配列間の系統関係を確定した。

まず私が、*Gsdm* 遺伝子の相同配列を集めた、以前に知られていたものに加え、
相同な部分配列だけをを用いた相同性探索の「リレー方式」の様な手法で、
ゼブラフィッシュ等の魚類にも (*Gsdm* の N端側半分の)
部分的な相同配列があることを見つけた。(後にそれは DFNA5 や DFNB59 より近い配列と分かった。)
そして、私が収集したそれらの相同配列を用いて、
隅山博士が (ブートストラップ値も含めた) 系統樹 (論文の Fig. 1 等) を作成し、その意味を検討した。

その結果、
まず、相同配列は大きく2つのグループ、*Gsdm* 遺伝子族、および、DFNA5 や DFNB59の相同配列から成るグループ、
に分かれることが分かり、
さらにその後、(私は関与していないが) *Hox* 遺伝子クラスターとの連鎖状況を調べることで、
これら相同配列群は、脊椎動物祖先にあった「祖先配列」が2回のゲノム重複を経ることにより、
GSDMA & *GSDMB* のグループ、*GSDMC* & *GDDMD* のグループ、DFNA5 のグループ、そしてDFNB59 のグループ、
に分かれたらしいことが分かった。
これらも含めた系統解析が、この論文での前半部分の、*Gsdm* 相同配列の分類の再定義の基盤および骨格となった。
従って、
この論文でやっている実に広範囲の解析 (多配列並べ解析、機能モチーフやドメインの解析、染色体上での分布の解析、
そして遺伝子の発現パターンを調べる実験、等々) の中では、
我々がやった仕事は作業量的にはそのほんの一角に過ぎないが、
Gsdm 相同配列の分類の再定義の基盤および骨格を与えたという意味において、
論文の内容に実質的な貢献をしたとは言えるので、我々の authorship は正当化されると信じている。

[重複遺伝子の分子進化機構]

17. Kiyoshi Ezawa, Satoshi Oota, Naruya Saitou, 2006 (May). "Genome-Wide Search of Gene Conversions in Duplicated Genes of Mouse and Rat." *Molecular Biology and Evolution*. 23(5):927-940. (DOI: [10.1093/molbev/msj093](https://doi.org/10.1093/molbev/msj093))

19. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikee, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2010 (Sep). "Evolutionary Pattern of Gene Homogenization between Primate-Specific Paralogs after Human and Macaque Speciation Using the 4-2-4 Method." Molecular Biology and Evolution. 27(9):2152-2171. (DOI: [10.1093/molbev/msq109](https://doi.org/10.1093/molbev/msq109))

20. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikee, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2011 (Aug). "Evolutionary Patterns of Recently Emerged Animal Duplons." Genome Biology and Evolution. 3:1119-1135. (DOI: [10.1093/gbe/evr074](https://doi.org/10.1093/gbe/evr074))

(検討)

先ず、これらの研究は、斎藤成也博士が「監督」、私が「実働部隊」として行われた。

(ときどき(2ヶ月に一回程度)議論して方針を決めながら進めた。)

そして、論文(17、19、20)は、私がまず第一草稿を書き上げ、斎藤博士と議論をしながら洗練していった。

特に、17、と19、は、もともと(過去の研究で使われた方法の再発明ではあるが)

斎藤博士が考案した「四つ組法」を他の(シグナルの密集具合を見る)統計検定で補強した

方法、4-2-4 法、を、(これも斎藤博士の提案で)近縁2種の生物から取ってきた「四つ組」の集合に適用する研究に関する論文である。

実際の、他の統計検定の考案/探索、そして4-2-4 法のプログラムへの実装、

「四つ組」の集合を得るための相同性検索、多配列並べ(MSA)、系統樹作成、etc. の解析、

そして実際に4-2-4 法を「四つ組」の集合に適用すること

(その前のパラメータチューニングの為に配列進化シミュレーション解析も含む)はすべて私が行った。

また、20、は、17、19、でした「四つ組」の集合の準備のためにした

一連の解析で生成した生物種ごとの重複遺伝子の集合を「再利用」したのだが、

この「再利用」の案はかなり以前から研究室の進捗会議などで出されていた。

実際の「再利用」にあたり、同義置換距離によって集合を輪切りにし、

仮想「時系列解析」を行うというアイディアは私自身のものである。

そして実際の数学的解析、プログラミング、コンピュータによる大量データ解析などは

すべて私が行った。

と言うわけで、斎藤博士が最終著者、私が第一著者であることは、ごく適切だと思う。

問題は、その他の著者はどうなのか?と言うことである。

17、の第2著者は、

私が(大量データ解析のための)クラスターマシンの使用を始める際に、

どの様に使うかを指南してくれたものの、

それだけなら謝辞(Acknowledgments)に記載するのが適当である。

また、論文の第一稿に関しては幾つかコメントしてくれたのだが、

再投稿論文に関してはコメントももらえなかった。

こう考えると、今思うに、彼は共著者よりは謝辞に記載するのが適切だったと言える。

(もともと私が彼を共著者として加えたので、これは私の責任である。)

19、20、の第2、第3著者は、

数年間私を彼らのプロジェクト(ゲノムネットワークプロジェクト、GNP)で雇ってくれ、

そう言う意味で、これらの研究の「財政的支援」をしてくれた、と言うことは出来るが、

これら研究自体にはまったくタッチしていないし、論文にも(学術的な)コメントはしてくれなかった。

そう言う意味で、彼らも共著者よりは謝辞に記載するのが適切だったと言える。

実は、彼らが共著者になったのには「ウラ話」があり、

私が彼らのプロジェクトでの研究を完遂できず、成果を出せなかった為に(しかしながら、そもそもこれ自体、

「私のせい」ではなかったのではないかと今では疑念を抱いているが、、(詳細は「**私に起こった出来事**」))

その「つぐない」の意味を込めて、「彼らに authorship を献上しよう、」

と最終著者が提案(ほとんど命令)したのである。

(私は彼らに「給料泥棒」呼ばわりまでされていたので、断れる筈もなかった。)

私が思うに、これらの論文の共著者にもっとふさわしい人物がいるとすれば、

それは隅山健太博士だろう。

そもそも、17、の際に、「(遺伝子変換の)シグナルの密集具合も調べたらどうか？」

と助言してくれたのは彼だったし、

20、のデータの「再利用」も元々は彼の提案である。

その他にも(具体的には思い出せないが)様々な役に立つ助言をしてくれたようなおぼろげな記憶がある。

事実、私は彼を17、と20、の共著者にしたかったのだが、

最終著者の強い意向により、彼は謝辞に記載するに留めた。

この様に、一般にしばしば最終著者になる（日本の）PI (principal investigator) 達は（あくまでも非合法・非倫理的な慣習として）研究室メンバーの authorship を与奪する「権限を持って」いる。（私は、私の論文の例がすべてではないことには確信がある。）
私自体、（雑誌掲載論文ではないものの）authorship を贈与されたことがあるからだ。）
そうやって研究室メンバーを「支配」しているのだ。
しかしながら、そんなことをしていたら、
研究者達は常にPIの顔色を伺うこととなり、
自由な研究の議論も正直（truthful）な研究も望めなくなる。
それに、何より、適正でない authorship は、「事実」を捻じ曲げて読者（大衆）を欺く行為に
他ならず、科学の正しい発展を阻害する。

私は、
（「authorship 贈収」も含めて）こういう「悪しき慣習」はそろそろ止（や）めるべきでは無いかと思う。

< University of Houston (UH) 時代 (> 横須賀での「宿題」)>

[ゲノム構造変異 (genome structural variations, SVs) の集団遺伝学的解析手法]

21. Kiyoshi Ezawa, Giddy Landan, Dan Graur. 2013. "Detecting negative selection on recurrent mutations using gene genealogy." BMC Genetics. 14(1):37. (DOI: [10.1186/1471-2156-14-37](https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-37))

(検討)

この論文に記述された研究は、
私が作成したSVsの集団遺伝学的解析に関する NIH 助成金申請プロジェクト（結局 reject される）
（以下「当プロジェクト」と略記）
の「予備解析」あるいは「派生研究」（見方によって異なる）にあたるので、
authorship について論じるには、当プロジェクトまで遡らねばならない。

そもそも当プロジェクトは、私が UH に移る少し前から構想を抱いていたもので、
それをGraur 博士の、ごく一般的な「助成金申請プロジェクトを考えよ」という要請に従い、
関連文献の検索&参照や幾つかの（簡単な）予備解析も含めて私が草稿を書き上げ、
それを、Graur 博士と Landan 博士の手助けを受けながら、
申請できる様な様式（形式）に体裁を整えたものである。

そしてその後、その本格的な「予備解析」として、私がこの研究を設計し、
（数学的計算やプログラミングも含めて）私が1人でデータ解析を進めて草稿を書き上げ、
それを Graur 博士がチェックした。
（チェックは主に英語表現に関してだった；この時 Landan 博士はチェックしなかったと記憶している。）

従って、私が第一著者であるのは確定的なのだが、
彼らがこの論文の学術的内容を追加／削減／変更したのか？と聞かれると、
それはかなり微妙なところであり、
仮に、私の単著論文にして彼らを丁重に Acknowledge したただけだったとしても
（恐らくGraur 博士が文句を言う以外は）咎める者はないであろう。

従って、ここでの Graur 博士と Landan 博士の authorship は、
「黒に近いグレー」と言わざるを得ず、
仮に「authorship 贈収」の疑いをかけられたとしても、私は自己弁護する気はない。

私としては彼らにもう少し積極的に関わって欲しかったのだが、
一旦共著者に加えたものを「寄与が少ない」と言って後に外すのは
（特に相手が自分の（元）上司だったら）相当の勇気がいることであり、
当時の私にはそれはできなかった。
大衆に対しては非常に申し訳なく思う。

< 総研大葉山時代 >

[新しい集団遺伝学的手法]

22. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Aug). "Theoretical framework of population genetics with somatic mutations taken into account: application to copy number variations in humans." *Heredity*. 111:364-374. (DOI: [10.1038/hdy.2013.59](https://doi.org/10.1038/hdy.2013.59))

23. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Jul). "Competition Between the Sperm of a Single Male Can Increase the Evolutionary Rate of Haploid Expressed Genes." *Genetics*. 194(3):709-719. (DOI: [10.1534/genetics.113.152066](https://doi.org/10.1534/genetics.113.152066))

(検討)

これら2つの論文は、内容は全く異なるが、
authorship に関わる寄与の仕方はかなり似ているのでまとめて説明すると、
どちらも研究の発案は印南秀樹博士であり、
その具体的な数学的（集団遺伝学的）定式化、プログラムへの実装、データ解析までは
私が担当した。（たまたに印南博士の助言を得た。）
そして、私が草稿を書き上げて彼に渡したのだが、何が気に入らなかったのか、
彼はそれを無視して論文を一から書き直した為、ここでの私の労力はムダになってしまった。
そんなことが何度か続いたので、再投稿の時からは、
彼が先ず草稿を書き上げ、私が事実関係や英語の文法語法等をチェックするスタイルに変えた。

そう言う訳で、（論文執筆の寄与の云々はともかく、）どちらについても、
私が第一著者で彼が最終著者であるのは適切だと思う。

< UH 時代の「宿題」 & 九州工業大学時代 & 秩父時代 >

[多数配列並べ (multiple sequence alignment, MSA) における誤りの修正に関して]

24. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). "General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: are alignment probabilities factorable?" *BMC Bioinformatics*. 17:304. (DOI: [10.1186/s12859-016-1105-7](https://doi.org/10.1186/s12859-016-1105-7))

25. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). "General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: local alignment probability computation." *BMC Bioinformatics*. 17:397. (DOI: [10.1186/s12859-016-1167-6](https://doi.org/10.1186/s12859-016-1167-6))

26. Kiyoshi Ezawa, Dan Graur, Giddy Landan. 2015 (Aug). "Perturbative formulation of general continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions, Part IV: Incorporation of substitutions and other mutations." unpublished (available at bioRxiv). (DOI: [10.1101/023622](https://doi.org/10.1101/023622))

27. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Mar). "Characterization of multiple sequence alignment errors using complete-likelihood score and position-shift map." *BMC Bioinformatics*. 17:133 (DOI: [10.1186/s12859-016-0945-5](https://doi.org/10.1186/s12859-016-0945-5))

(検討)

これは、もともと私が UH に行って参加したプロジェクト、
「MSA における誤りの修正」、が（論文を一本も書かないと言う）非常に不自然な終わり方をしたのを、
私が、私自身が提案した部分のみを用いて「後継プロジェクト」として（特別な予算なしに）立ち上げた
（あるいは「復活させた」）ものである。
従って、（源プロジェクトの土台に乗ってはいるものの）これらの研究の発案は私自身であり、
その後の数学的（分子進化的）理論構築、アルゴリズムなどの手法の考案、
プログラムへの実装、（検証のための）データ解析、などはすべて私1人で行った。

[

それから、彼らは勘違いしているのかも知れないが、

27、で復元されたMSAを正しい区間（segment）と誤りのある区間に分ける方法は、

（その後改良はしたものの）実はもともと私自身が UH に行く前に独自に考案したものであり

（斎藤研の進捗報告会議（2003/08/27）で一度その使用を（暗に）示している；また、["/Bioinformatics/MyTools/MyMalnManipu.pm.bk"](#)（2003/11/03 凍結）に、サブルーチン "compare_malign" として実装してある）、
彼らのアルゴリズムもしくはプログラムコードは見たこともないし具体的に聞いたこともない。

（そもそも彼らが具体的にどんな方法を使ったのかは私は知らない（、何故なら、知る必要がないから）。）

それに、正しい区間と誤った区間に分けること自体に関しては、彼らの論文
を適切に引用しているので、何ら問題ない筈である。

]

それから、論文の第一草稿を書き上げてから、彼らに見せると、
まず、元現場監督から（24 & 25 と 27 に）2分割する様に助言され、

その後、分割した24 & 25の原稿を見せると、元現場監督からは図の体裁に関して注文が入り、元総監督からは英語表現を多少修正された。

その後、彼らが私の元を去ってから（24 & 25をひとまとめでした論文を）投稿すると、非常に不自然な査読プロセスにより reject され、それから後は私1人だけで論文（24、と25、）を書き直し、投稿して accept された。

[
その途中過程で、私は24 & 25 & 27を含む非常に長い論文を書き上げたが、
そのままでは雑誌投稿は無理と考え、最終的に、それらを全て分けて、
27、は（まだ未熟と考え、bioRxiv に掲示しただけで）投稿しなかった。
]

（これらの詳細はすべて「私に起こった出来事」に記述してある。）

だから、

「これら研究の発案から論文が accept されるまでの間に彼らの学術的な寄与があったかどうか？」

と聞かれると、それはかなり疑問があり、
謝辞に記載するだけで十分とも考えられるが、
その一方で、

これら研究が、彼らの UH での研究プロジェクトの土台の上に乗っていることは事実で、
しかもそのプロジェクト関係の論文は一切発表されてないことを考えると、
彼らをこれら論文の共著者にするのも許されることかも知れない。

[
しかしながら、私には、彼らが故意に論文を書かなかった、としか思えないのだが、、、。
]

結局、そうなると、authorship を与えるかどうかは、彼ら自身の意志、希望によることとなり、
26、も含めた4本の bioRxiv 論文に関しては、彼らにまだ意志があったため、
彼らを共著者にしたが、
24、25、27、では彼らにもはや意志がなくなったため、共著者から外さざるを得なくなった、
ということである。

非常にいわく付きのケースであるが、

結局、彼ら（特に元現場監督）が私のことを内心嫌っていた、というのが全てだと思う。
人間、嫌いな奴の言う事には、真剣に耳を貸そうとしないものである。
だから、一旦「何か」が起これしまうと、何を言っても無駄なのである。

[
何故か知らないが、
私は（彼らに限らず）生命科学関係者達からはしばしば嫌われている様である。
それは、私が物理学出身で、「物理学で生物学（あるいは分子進化学）を征服してやるう」という
野望を抱いていた（そしてそれが24、— 30、の様に研究自体にも現れていた）せいかもしれない。
]

[より正確かつ「正直」な（統計的）多数配列並べ (MSA) の手法の開発に向けて]

28. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "New perturbation method to compute probabilities of mutually adjoining insertion-type and deletion-type gaps in ancestor-descendant pairwise sequence alignment under genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions: the 'last piece of the puzzle'." unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

29. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "Alingment Neighborhood EXplorer (ANEX): First attempt to apply genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions to Multiple Sequence Alignment reconstruction problem." unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00006.anex.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00006.anex.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

30. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "Substitutional Residue-Difference Map (SRD Map) to help locate mis-alignments in Multiple Sequence Alignment (MSA): toward Artificial-Intelligence-assisted probability distribution of alternative MSAs." unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

(検討)

これは、上記24、25、27、の結果をもとに、
私が九工大の受け入れ研究室にいるときに立ち上げたプロジェクトだが、
これも私自身が発案し、数学的（分子進化学的）理論構築（前回の補足&発展）、

アルゴリズムなどの手法の考案、プログラムへの実装、（検証のための）データ解析、
などはすべて私1人で行った。
（UH の（元）上司達の関与は一切ない；そもそも方向性が異なる。）

私はできればこれらは（恩返しのために）九工大での受け入れ教官との共著論文にしたいと思い、
彼の関与を期待して、「青写真」やプレゼンテーション資料等では彼を共著者にしていたのだが、
残念ながら彼の積極的な関与はなかった。
（一つの例外は、出力形式に関してで、ゲノム配列並べプログラム、Mauve を教えて頂いたのだが、
残念ながら、時間が足りなかったため、それが意味を持つ様な
（重複、逆位などの）ゲノム再編成も組み込んだプログラムの開発までは至らなかった。）

後になって、どうやらこのプロジェクトを妨害するのが彼の真の目的のようだと知り、
非常に残念ながら彼を共同研究者&共著者から外さざるを得なくなった。

そう言う訳で、これらの論文は私の単著となっている。

（義理堅い）彼にしてみれば、日本における MSA 研究の草分け的存在である（彼の）恩師の築き上げた業績を
根本から塗り替えかねないこの様な研究プロジェクトには参加できないと思ったのかも知れない。
（彼が自らの意志でそうしたのか、それともその恩師からの要請（命令）があったのかは私にはわからない。）

科学技術の大幅な発展は、時に、
それまでに積み上げたものを根本から覆すような「革新」によってのみ可能となる。
その際に、自らの業績を覆された人々がそれを「遺恨」と思うか「本望」と思うかは、
結局のところ、その人々が科学者（研究者）を志した動機に依存する：

もしも、科学的真実を追求するために科学者（研究者）になったのなら、覆されて「本望」と思うだろう；
一方、ただ単に立身出世の手段として科学者（研究者）を選んだのなら「遺恨」と思うだろう。

いずれにせよ、
科学研究の世界では、「義理」「人情」はしばしば「科学的真実」を追求する邪魔になる。
私の意見では、

科学を志すと決めた人は、「科学的真実」のみに仕えるべきであり、特定の人物や団体に仕えるべきではない；

ある意味、（理想的な）官僚のように冷徹であるべきなのだ。
これができない人間は、しばしば、「不正」に走り、「科学的真実」を歪めることとなる。

（最近、官僚も（国家や公一般でなく）特定の人物に忖度するようになってしまったのは遺憾である。）

まあ、（特にまだ若かった頃の）私も義理人情にほだされがちだったのは、反省点として残る。

【おまけ】

A1. Tetsushi Yada. “Genome Alignment.” In S Ranganathan, K Nakai, and C Schonbach, edi- tors, The Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, pages 268–283. Elsevier, Amsterdam, NL, 2019.

これは百科事典の記事（1 項目、または総説ともみなせる）で、私は著者になっていないが、
ここで告白させて頂くと、実は、**この記事の大部分（8 割以上）は私が準備&執筆した。**
[
この記事の「著者」は、（結構大変だった図の作画も含めて）その中の一つの節（“Illustrative Examples”）のみ執筆した。
（従って、一応、彼には著者を名乗る権利自体はある。ここでの問題は、「単著にしていိかどうか？」に絞られる。）
]

（今でもそうだが）当時の私は「四面楚歌」状態にあり、
「敵方」からの様々な「攻撃」を受けかねない状況だったので、
その攻撃から共著者（この「著者」）や出版社を守る意図で
「authorship 撤回」を申し出たのだが、
出版社側の対応が怪しかった為、その後一ヶ月間に渡り係争を繰り返すこととなった。
（「私に起こった出来事」に詳述）

しかし、理由がなんであれ、

authorship を操作するのは、大衆（読者）を「欺く」行為なので、許されるべきではない。

この場を借りて深くお詫び申し上げます。

しかしながら、これで、
この「著者」自身も「**出版倫理**」「**研究者倫理**」に対する意識が低いことが露わになった。
私は、私の「authorship 撤回」を彼が受け入れたのは、単なる不注意だったのかそれとも
積極的に私を共著者から外す為だったのか、は知らない。
しかしながら、
少なくとも彼が（アリバイメールは送って来たものの）強い抵抗もなく私の申し出を受け入れた、
という事実は、

恐らくは、このような「ゴースト著者」の慣行がこの業界ではかなり広まっている

ことを示唆する。
（それが、日本国内だけなのか、海外でも同様なのか、は私は知らない。）

（自分で破っておいて言うのは大変恐縮ではあるが、）
私は、科学研究のコミュニティが健全な状態を保つ（あるいは取り戻す）ためには、

**このような「ゴースト著者」の慣行を廃し、
論文や総説を「誰が」（その基となる研究への寄与も含めて）「どの様に」執筆したかを明確に示す**

ことが大事だと思う。

補遺D：私の犯した（研究関係の）間違い（失敗）

（導入）
自分で言うのも何だが、
私は、元来、（研究関係では）間違い（失敗）の少ない人間である。
素粒子論時代は、（特に数学的計算の）間違いの少なさで定評があったし、
大雑把に言って、私の間違いの頻度は研究者の平均の1/3 ～ 1/10 程度であっただろう。

しかしながら、人生のある一時期、間違い（失敗）が集中した時期があった。
（それは、恐らく、非常に過酷な労働条件の下、深刻な睡眠不足に陥っていた事と
少なからぬ関係がある。）

私の記憶に残っているのは3つの間違い（失敗）であり、以下、それについて記述しておく。

ひょっとしたら、どなたか、他に私が「間違い（失敗）」したのを見聞きしたことがある
と思っているかも知れないが、
恐らくそれは、本当の意味での間違い（失敗）ではなく、
その人の誤解（あるいは理解不足）、もしくは私の説明不足、あるいはその両方によるものだと思う。

例えば、
私が国立遺伝学研究所にいた時に、集団遺伝学の読書会
（本は "Population Genetics: A Concise Guide, 2nd ed.", by J.H. Gillespie）
の、エピスタシス（epistasis）の説明のあたりで、
「（数学的には） multiplicative epistasis が一番自然（簡単）だ」と発言し、
その後で、
「（実際の生物学では） synergistic epistasis がよく見られるのは自然に理解できる」と発言した。

これらは、一見矛盾している様に思えるかも知れないが、それは、その裏のロジックを聞いていないからである。

[(以下、裏のロジック：)

まず、数学的に最も簡単な（だがあまり現実的ではない）モデルでは、各遺伝子は他の遺伝子と独立に働く。

その結果、各遺伝子の変異が fitness に与える効果も、それぞれ独立になり、それらが一つ一つ掛けられて全体の効果を与えるので、自然に multiplicative epistasis が導かれる。

一方、実際の生物内では、（遺伝子機能の冗長さも含め）様々なバックアップ機構が働いているので、ただ一つの遺伝子に変異が起ころうと、その効果はバックアップ機構によって薄められてしまう。が、仮に、ある遺伝子とその機能をバックアップしている遺伝子両方に変異が生じると、大きな効果（fitness の大幅な減少）が起ころう。

従って、実際の生物内では、synergistic epistasis がよく見られることが期待される。

]

勉強会では、裏のロジックまでいちいち説明しなかった。

何故なら、こんな長たらしい説明を口頭だけでしても多くの人はすぐには理解できないし、単に「口やかましい奴」と思われるのが関の山だからである。

（もう一つの理由は、私はそもそも人前で話すのが苦手で、（日本語でも英語でも）こんな長たらしい説明をつかえずにできる自信がないからだ。）

この様に、（そもそも話すのが苦手な）私が発言するときは大抵、単なる思い付きではなく、なんらかの「裏付け」があるものであるが、同時に、その「裏付け」を説明しないことの方が多い。

もし、私が何か「奇妙な」発言をしたのを聞いた記憶がある方がおられたら、もう一度、その発言に何か「裏付け」があったのか、考えて見られる事をお勧めする。

< 失敗 1：組み替え（および連鎖）の集団遺伝学でのミス >

何をどう勘違いしたのか、今となっては自分でも定かではないのだが、

2つの相同染色体の間で組み替えを無限回繰り返した後は、最初に片方の染色体上にあった遺伝子は $1/2$ の確率でもとの染色体上にいる筈であるが、何故かその時は、必ず（つまり確率 1 で）反対側の染色体に移ると誤解して計算をしてしまった

ことがある。

[

もしかしたら、ある定まった奇数回の組み換えが（考えている遺伝子間で）起こると、必ず反対側の染色体に移ることが、頭のどこかに引っかかっていたのかも知れない。

]

これは純粋に私の誤りであったが、この様な、数学的モデル上で誤りを犯したのは、私が覚えている限り、これが最初で最後であった。

< 失敗 2：Excel の取り扱いの失敗 >

これは、私が遺伝研にいた時、ゲノムネットワークプロジェクト（GNP）の前半期に、ある外国人研究員（？）の研究の議論をする際に、彼女からもらった Excel ファイル上の表（多くの行と数個の列からなる）の行をソートしようと思って、一つの列だけを選んでソートボタンを押したことがある。

その結果、その選んだ列の中だけでソートされて、結果、各行の列間の関連性が失われた「意味ない表」が生成されてしまったのだが、

そのことに気づかずに、トンチンカンな議論をしてしまい、彼女を混乱させてしまった。
(彼女には後で正直に自分のミスを告白し、丁寧に謝った。)

これは、一つには、私はまだ Excel を使い慣れてなかった、というのがある。
だが、普段の私は、
この様に初めて使う機能に関しては、
予め小さなデータを使って (何が起こるのか) 「実験」してみるのが常であった。

しかしながら、恐らくその時は、自分の業務も忙しくて、
「実験」をする間も無く、「見切り発車」してしまったものと思われる。

彼女には大変申し訳ない事をしたし、
自分自身としても恥ずかしい限りではあるが、
どうもこのミス (のうわさ) が GNP のメンバーの間に広まって、
私の信用がガタ落ちした様な気がしてならない。
(、、、まあ、「自業自得」と言ってしまうればそれまでだが、、、。)

ちなみに、これを教訓に、以後は、「実験」は欠かさずする様になった。

< 失敗3：骨 (関連) 細胞の起源に関する奇妙な仮説 >

これも私が遺伝研にいた頃、ゲノムネットワークプロジェクト (GNP) の後半期に、
アルゴリズムミーティングで、

「骨 (関連) 細胞の起源は癌細胞 (みたいなもの) かも知れない」

みたいな事を言って、呆れられたことがあった。

しかしながら、これは単なる (何の根拠もない) 思い付きではなく、

(我々が研究していた) 骨関連遺伝子ネットワークの中に、
やたらと多く癌関連遺伝子が存在する、

という、れっきとした「観察事実」に基づいての「仮説」であった。

それに、脊椎動物の骨の歴史は甲冑魚などの「外骨格」から始まった、
という見方もある。

この (甲冑魚などの) 「外骨格」が、体内に侵入して「内骨格」になる際には、
もしかしたら、癌細胞の「浸潤」の様なメカニズムがあったのかも知れない、
等と想像を膨らませてみると面白い。
(ただし、解剖学、組織器官学、あるは発生学的にどれだけ意味を成すかは、私には分からない。)

それでもまだ荒唐無稽と思われるも仕方はないが、
全くの根拠なき思いつきではなかった事だけご理解頂きたい。

私は、生来の謙虚さから、
「私ごときが知っている事は、皆さんきっと知っているに違いない」
と仮定して、理由などを説明しないことが多い。
(このミーティングの時もそうだった。)

また、よく黙り込んでしまうのも、大抵は、上記仮定が念頭にあって、
「こんな簡単なことは (相手は) 当然知っている筈だし、
もっと深い事を尋ねているのだろうか、、、?」と考え込んでしまうせいである。

どうもそのせいで、
特に遺伝研時代 (とりわけ GNP において) は、
(根拠も持たずに好き勝手な事を言う) そこらへんの胡散臭い輩
と同列に見なされていた様な気がする。
しかしながら、私が GNP を解雇される前後に現場監督と交わした数々の議論、

および UH での経験で、上記仮定は全くの誤りであり、むしろこの学界はハツリかましばかりである事を思い知った。

当時からもっと説明する様に心がけていれば、もう少し信用を高く維持できたのかも知れない。
(ただし、それでも、私がコミュニケーション障害気味である事がネックとなるが、、、。)

そう言う意味で、この件での「失敗」と言えば、上記の(骨起源の)仮説を発言した事よりも、むしろ、(自分の知っている事を相手は当然知っているとして)十分に説明を尽くさなかった事なのかも知れない。

補遺E：コンピュータ時代における研究の「落とし穴」

かつては、理論系の研究というと、紙と鉛筆を用いて数学的計算をガリガリと続けられる者だけが行える、言わば「特殊専門産業」であった。

それが、20世紀の終わり頃からコンピュータがどんどん普及し、その性能も飛躍的に向上するにつれて、数学がそんなに得意でない人達でも、コンピュータ解析やシミュレーション解析等だけを行ない、その結果についてまとめ、考察すれば(特に理論系)研究論文を書いて学術雑誌に掲載することが可能になって来た。

これは、一方では、研究従事者を増やし科学界の「すそ野」を広げるという、一見ポジティブな効果があるようには思える。実際問題として、21世紀に入って、研究論文の数はかつてとは比べ物にならない位増えている(筈である)し、取得される博士号の数もしかりである(筈である)。

[注：
これはあくまでも世界的に見ての話である。
日本では(どうやらその待遇の問題で)最近博士号取得者が減ってきている様だ；
これは「科学技術立国、日本」の土台を崩しかねない、由々しき問題である。
]

しかしながら、もう一方では、質の悪い論文が大量に紛れ込み、科学界全体の質を劣化させてしまう危険性を大いに孕んでいる、と私は思う。

ここでは、このようなコンピュータ時代における(特に理論系)研究論文の「落とし穴」がどこに潜んでいるのか?を論じ、同時にそれを防ぐ手立てを考察する。

読者達が、今後、自ら査読者(あるいは審判)を務める際、あるいは、(出版後査読も含む)査読システム全体の「改革」を行う際の、参考にして頂けたら幸いである。

(1) 非現実的なシミュレーション等の使用

コンピュータの一つの特徴は、現実には起こりえない事でも(しばしば容易に)サイバー空間上に「実現」出来る、事である。

この特徴は、正しく使えば「利点」となる；つまり、わざと物理量等の変数、もしくはモデル自体、を現実からずらした時の結果を現実の場合の結果と比較することにより、現実世界をより良く理解したりするのに利用できる。

しかし、上記特徴は「諸刃の刃」であることは、特に科学者(研究者)は十分に認識しておかねばならない。つまり、「誤用」あるいは「悪用」すると、

非現実的なシミュレーションの結果やコンピュータグラフィックス（CG）等を駆使して、
読者達にあたかもそれが現実的に起こっていることであるかの様に「錯覚」させてしまい兼ねないのだ。
[時にグラフや CG 等の視覚的情報は、人間の脳を強く刺激するので要注意である。]

[
また、しばしば見られる CG 等を使った、読者（視聴者）の理解を助ける為の「イメージ図／動画」も、
まったく現実とは違う場合もある（例えば、原子のイメージで電子が原子核の周りを回っているのは嘘である；
実際には、電子は原子核の付近に「どこことなく」存在しているだけである
（そもそも、我々の知覚できる古典物理学の描像で量子力学を表現するのは、非常に難しい））
し、
まだそれが「正解」と確定していない場合もある（例えば、恐竜の生活の「再現映像」等）。
これらの場合、
「これはあくまでイメージです」とか「これはあくまでも一解釈であり、後の研究の進展により、変わる可能性があります」等
の様な**テロップ（字幕）**でもつけておくのが**良心的**であろう。
]

これを悪用する事などはもっての外だが、
そうでない場合でも、論文の著者達（あるいは映像製作者達）は十分に注意して、
非現実的なシミュレーション等に基づく結果を「現実的だ」と主張したりすることのない様に最大限努め、
また、（理解を助けるために）敢えて非現実的なシミュレーション等を使った場合には、
必ず（本文、および図や表のキャプションやレジェンドに）それは非現実的な状況である旨を明記するべきである。
さもないと、
読者（視聴者）達、とくに初心者（同然）の読者（視聴者）達、の誤解を招いてしまうこととなり、
学界に混乱を引き起こす原因となる。

[
ちなみに、私が人生の後半関わっていた、
分子進化や（相同配列解析関係の）バイオインフォマティクスでは、
（それが「悪意」によるのか否かまでは判らないが、）
この様な非現実的なシミュレーション等に基づく論文はしばしば見かけた。
（HMM（隠れマルコフモデル）を使って生成した架空の配列並び（MSA, PWA）を用いた解析等も含む。
（注：HMMの結果は真の（genuine）配列進化モデルの結果と全く異なる。））

特ににそれらの分野はそうだが、他の分野も含め、読者達は注意されたし!!
]

（２）隠れた間違いの可能性（ソフトウェア使用法編）

そもそも、とりわけ研究者が開発者自身ではない時、既存のソフトウェア（以下ソフト）の使用法を間違ってしまう、
という事はしばしば起こり得る。
使用法の間違いには、大雑把に言って、次のようなものがあり得る。

(i) 目的の乖離（かいり）。
先ず、原則として、あるソフトを、それが開発された目的と違う目的で使用するのは、できる限り避けるべきである。

[
先ず、「他に適切なソフトはないか？」を調べる。なかったら、自分で開発することを検討する。
それも無理な時に初めて、「間に合わせ」として使えそうなソフトの使用を検討する。
]
以下、目的は合致しているとする。

(ii) 間違った入力データへの適用。
ソフトは、何らかの状況に（あるいは条件下で）適用する事を念頭に置いて、
それに適当と思われるアルゴリズムに基づいて、制作されるものである。
入力データが、それらの状況（あるいは条件）に合致していないと、当然ながら、「誤作動」する、
あるいは予期せぬ（無意味な）結果を与える、恐れは十分ある。

そのソフトに丁寧なマニュアル等がついている（あるいは論文等で詳しく記述してある）場合は、
まずそれを注意深く読み、
自分の入力データは条件をきちんと満たしているかどうか？を検討するのは必須である。
しかし、丁寧なマニュアル等（や詳しい論文等）がない場合、（あるいはあったとしても、）

でき得るならば、使用されているアルゴリズム（あるいはその実装）を注意深く調べて、自分の入力データが本当にそれに適合しているかどうか検討するべきである。
もし（能力、時間、その他の理由で）それができない場合は、そのソフトの開発者に問い合わせて見るのが一番良からう。

[
それもしできない場合は、近くの（あるいは知り合いの）その分野の専門家に尋ねる。
]

その際に、自分のデータについての大まかな説明や、自分が抱えている懸念等も併せて伝えると良いかも知れない。
くれぐれも、誰か（特にライバル）の開発したソフト（あるいはアルゴリズム）が望ましくない振る舞いをしたので「鬼の首を取った」気分で発表したら、単に入力データの不適合のせいだった、
という恥ずかしい事にならぬ様、注意したい。

[
ただし、不適合なのが分かった上で、敢えてソフト（アルゴリズム）の（外れた状況に対する）ロバスト（robust）さを調べる目的でだったら、それはありかも知れない。しかし、その場合も、不適合データを敢えて使っている旨は明記すべきである。
]

(iii) 間違ったパラメータ設定。

高度なソフトの中には、最初に入力データをスキャンして、自動的にパラメータを設定してしまうものもあるが、大抵の場合（特に試作品（アルファ版、ベータ版等）の場合はなおさら）、手動でパラメータを設定する様になっている。
普通はデフォルトのパラメータ設定で、幅広い入力データに対し最適に近い結果が得られる様になっている筈だが、
場合によっては、パラメータを適切に調節する事によって、（その特定の入力データに対する）ソフトの性能が格段に向上することもあるかも知れない
ことは念頭に置いておくべきである。

最も良いのはパラメータを実際に調節することだが、これは大変時間がかかり得るし、現実的には無理なケースも多々あるかも知れない。

次に良いのは、恐らく、開発者に問い合わせて助言を請うことだ。何故なら、大抵の場合、開発者自身がその様なパラメータ調節の経験が豊富な筈だからだ。

どちらも無理そうな時は、止むを得ずデフォルト値を用いる事となるが、論文では必ずその旨を断っておくべきであろう。

[
適切なパラメータ値の同定に関しては、アルゴリズムだけ眺めていてもラチがあかない事が多いかも知れないが、アルゴリズムを調べれば明らかに使ってはいけないパラメータ値（の範囲）が判明することもあるかも知れない。
また、自分の研究対象やその周辺の似た様な事例でのパラメータの取り得る典型的な値を知っておくことは、「非常識な」論文を著作&発表するのを防ぐのに役立つ。
]

(iv) 出力データの間違った解釈。

出力データを正しく解釈しないと、当然、間違った結論に達し得る。

まず、出力のフォーマットを正しく理解することは必須である。

通常は、ソフトのマニュアル等に説明してある筈なので、それをきちんと読んで理解する。

まれに、説明がない場合もあるかも知れないが、そんな時は、まず開発者に尋ねてみるべきである。

それが無理な場合は、ソフトのソースコードを調べる必要がある。

大抵、主要アルゴリズムの実装だけでなく、出力関連の関数やサブルーチン等も調べる必要が生ずる。

こうやって、出力データに（「どこに」）「何が」「どの様に」書かれているかを正しく理解したら、

次は、「何故、その様な結果になったのか？」を正しく解釈しなければならない。

この時、使われているアルゴリズムをきちんと理解し、数式を操作できる人は、かなり有利な位置にいる。

アルゴリズム中の数式等に「摂動」を加えたりして、その結果がどうなるかを調べられるからだ。

それができない人は、ある場合は、実装されたアルゴリズムの一部に「摂動」を施したり、

あるいは、入力データの方に「摂動」を施したりして、それに応じて出力がどう変化するか？

をつぶさに調べたりして、「何故そうなったか？」を知るヒントにしたり出来よう。

いずれにせよ、ただ一つの結果だけから、何かを結論できることは稀であろう。

特に、何か二つ（以上）の物を比較する時、そもそも状況が一方に有利になっていないか？

調べる（または考察する）ことは大切であろう。

[
特に、圧倒的に有利だったら、そもそも（そのソフトを使って）比較する必要ないかも知れない。
]

そうやって、できる限り、「意味のない比較」をするのを避ける。

また、何か数字（観測値や頻度、割合等）を論ずる時には、単に、生の出力値を示すだけでなく、誤り（あるいは、「ゆらぎ」）（の程度&可能性）を考慮に入れ、示すことは大切である。
例えば、何かを検出するソフトの場合、その検出頻度だけでなく、
その偽陽性率と偽陰性率を示すか、それを考慮した頻度の「補正值」を示すことは重要である。
また、何かを「測る」ソフトの場合、単に測定値（平均、最尤値等）だけでなく、
その標準エラー幅、もしくは（例えば）95%信頼区間等も示しておくべきであろう。

世の中には（特に生物理論系では）、真逆の、あるいは矛盾した、結果（または結論）を唱える論文が数多く存在する。
生物理論系では、それを、

「扱っている状況（例えば生物種や進化的距離や「データの性格」等）が違えば結果も違って当然だ」
の様な説明をしてお茶を濁してしまうことが多い。

しかし私は、実は、その中の（大部分かどうかは知らないが）かなりの部分は、
上記の様なソフトの使用法の間違いに起因するのではないかと疑っている。

[
特に、ソフトAとソフトBの比較の場合、本当はその性能はほぼ同等なのに、
それぞれのソフトの開発者が、自分のソフトには（事前調節した）最適パラメータ値を用い、
相手のソフトではデフォルトのパラメータ値を用いて比較した為、真逆の結論になる、と言うのはよくありそうである。
一番いいのは勿論、最適パラメータ値同士で比較することだが、それが無理な場合は、せめて、
デフォルト値同士で比較すべきなのかも知れない。
]

（3）隠れた間違いの可能性（実装、数式、アルゴリズム編）

ここでは、主にソフトを開発者自身が用いている場合を想定し、
ソフトの実際の動作が開発者が元々意図した、あるいは（論文やマニュアル等に）記述した、動作と違う場合を考える。

[
開発者以外がソフト用いている場合を想定しても良いが、その場合、
（その実装について最も理解しているのは開発者自身であるという事情から、）
間違いを突き止めるのは恐らくより難しくなる。
そこでこの場合、普通は先ず、開発者に「異常」を報告し、問題解決を要請するのが恐らくベストである。
（これにより、開発者自身がソフトを用いている場合に帰着する。）
それが無理な場合に初めて使用者による問題解決が図られる。
]

この場合、考えられる原因は、大体、以下（あるいはその組み合わせ）であろう。

(i) 実装の間違い。
もしも、アルゴリズム、もしくは数式のソフトへの実装に於いて、
それら、あるいはその周辺のコマンド等、を間違って書き込んでいたら、動作が意図していたものと異なってくる。
この場合、標準的な解決策が取られる：即ち、デバッグして、間違っている箇所を突き止め、修正する。

(ii) 数式に関する誤り。
もしも、アルゴリズムの中あるいはその周辺の数式の変形等がそもそも間違っていたら、
例えその（間違った）結果を忠実に実装しても、動作が意図していたものと異なってくる。
そこで、一旦、（設計図の方に立ち返って）数式の変形等が正しくなされているか、再確認する。
[
自分でするのが難しい時は、近く（あるいは知り合い）の専門家の助けを借りる。
]

(iii) アルゴリズムに関する誤り。
そもそも、アルゴリズム（それが開発者自身の考案であれ、既存のものであれ）を誤って理解していたら、
当然、実際の動作は意図したものとは異なってくる。
そこで、もう一度、アルゴリズム自身を自分が正しく理解しているかどうか、再確認する。
また、（開発者自身が考案した）アルゴリズムを間違って設計または構築してしまった場合も
開発者が意図したのとは違う動作を示すだろう。
この場合も、（設計図の方に立ち返って）アルゴリズム自身をもう一度見直して、正しく設計&構築されてるか再確認する。
[
この場合も、自分でするのが難しい時は、近く（あるいは知り合い）の専門家の助けを借りる。

]

そもそも自分の意図した通りに動かないプログラムを使用した結果に基づいて研究論文を書いたら、筆者の考え（あるいは論文での手法等の記述）と実際の結果とに齟齬（そご）が生じることになるので、読者（従って学界）に混乱を招くこととなる。
そういうことが決して起こらない様に、細心の注意と最大限の努力をするのは論文の筆者として必須の義務である。

（４）不正のチェックの難しさ

今までは「善意」の研究活動（とくにコンピュータ解析）により起こりうる誤りの原因をみてきた。
もし、（１）や（２）や（３）に当たることを故意にやって結果を操作したとしたら、それは「不正」ということになる。

「不正」でも、ソフトの出力を手動で改ざんした場合
（あるいはそもそもソフトを走らさずにデータを手動で捏造した場合）には、
ソフトを（論文の記述通りに）忠実に走らせた結果と論文に記述してある結果を照合すれば「発覚」する筈なので、
（手間は多少かかるが）比較的たやすく摘発出来るであろう。

[
それに、しばしば論文の論理展開に無理が生じることもあるかも知れない。この場合はさらに楽に摘発できる。
]

（１）の非現実的シミュレーション等に関する「不正」は、
査読者が（現実的なモデルや変数領域等も含め）論文の主題に精通していれば、論文を注意深く読むだけで「発覚」するが、
素人同然の査読者（あるいは一般読者）の場合、容易に騙（だま）されてしまう危険がある。

また、（２）、つまりソフト使用法、に関する「不正」の場合には、査読者が論文で使用されたソフトにそれなりに詳しくれば、
論文の本文（あるいは補足資料）をざっと読むだけで、
怪しい使用法を突き止める（そしてそれを編集者や筆者に知らせる）こともできるだろう。

しかし、（３）に関する「不正」の場合、それを突き止めるのは相当難しくなる。

(ii) や (iii) の場合は、その道の専門家、論文（しばしば補足資料）に記述された数式やアルゴリズムを
つぶさにチェックして初めて、「不正」が暴かれる。

そして、突き止めるのが最も難しいのが、(i) に関する不正である。

即ち、もしもプログラムの中身が「改ざん」されていて、
例えば入力値や出力値を（不適切に）何倍かするコマンドが密かに挿入されていたら、
これを見つけ出すのは相当困難である。

[
一つ一つのコマンドの意味を吟味しながら、ソースコードをつぶさに調べるしかない。
そして、もし（バイナリだけで）ソースコードが公開されてなかったとしたら、「お手上げ」である。
そして、このような「不正」が見つからなければ、
内在的に間違った動作をするソフトが出回ることになるので、
結果、学界には混乱がひろがることになる。
]

そして、今日では通常、そこまでの厳密なチェックは、投稿論文の査読では行われない
（し、「追試」でもそこまで行うことはほとんどないだろう）。

[
この項目の第２段落の様なチェックすら、掲載前査読ではほとんど行われないだろう。
この場合、掲載後の「追試」により初めて「発覚」し、スキャンダルに発展しうる。
]

そう考えてしまうと、現在の（投稿論文の）査読のシステムでは、残念ながら、
（とりわけ論文筆者が自ら開発したソフトを用いた）コンピュータ解析に基づく論文では、
「不正」は「し放題」、ということになる。

現在のシステムの下では、これを防ぐ唯一の手段は、**「科学者達や研究者達の善意に訴えかける」**ことである。
私は、これがどれくらい有効なのかには、かなり疑いを持っている。

[
言い換えると、今の世の中には、大なり小なり上記の様な「悪質な不正」を含んだ論文は
相当数に上るのではないかと睨んでいる。
特に、ここ数年間、（元）上司や（元）受け入れ教官達にひどい目に遭わされて来て、

研究者の「善意」なるものが如何にあてにならないか、を思い知らされた。
]

もっと積極的に、この様な「不正」の可能性を指摘し、その社会に与える悪影響について警告するような教育をすべての（コンピュータ解析を行う）人々に施すのは一定の効果があると思うが、他方で、「手口」を教えてしまうことにもなるので、少数ながらも「悪意」を持った人々には「逆効果」かも知れない。

結局、
このような「不正」を日常ルーティーン的にチェックし、（不正者には）厳しい罰則を科す様なシステムを構築しなければ、いつまでも不正は起こり続けるであろう。
[
そして、そのようなシステムに現役研究者を関与させるのは負担が大きすぎ、現実的ではない。それ用のエキスパートを養成するしかないかも知れない。
]

今すぐにでも学界全体で動き出さねば、科学の「崩壊」が近い将来やって来るかも知れない。

いずれにせよ、
科学者や研究者達は、科学では「真実の追求」こそが至上命題であり、（いかなる形であれ）真実を捻じ曲げれば、それは学界のみならず人類全体に混乱をもたらし兼ねないことを十分認識し、心にしっかり刻んでおくべきである。

補遺F：生活様式の変遷

人間だれしもそうだと思うが、私の生活様式（特に1日の時間割）も歳を重ねるにつれて変遷して来た。それを、記憶に残っている限り記録にとどめておく。

（ちなみに幼児期は割愛）

[
尚、生計状況について予めまとめておくと、
（1993年3月）阪大院修士課程終了までは親に（仕送りを受けたりして）扶養されていたが、その後は（名大院に入り直した際も、渡米した際も含め、）
（フル勤務／アルバイト／預貯金切り崩し等）いかなる形にせよ自活していた。
（なお、公的扶助、失業保険、年金（早期受給）、等々のお世話になった事は一切ない。）
]

< 小学生時代 (1975.4 - 1981.3) >

実家に住み、両親に扶養されていた。

実は、あまり記憶がないのだが、私が遅刻常習犯ではなかったことと、朝礼や朝のホームルームに間に合う為には私の家を遅くとも 7:45 am に出ないと間に合わなかったであろうことから、逆算して、恐らく朝6時半前後に起きていたのではないかと、と思われる。
（ただし、夏休みに朝5時ごろに起きて、河原の雑木林にクワガタを捕まえに出かけることはしばしばあった。（ちなみに、取って来た後は「二度寝」した。））

また、就寝時間も（特に低中学年の頃は）かなり早く、夜9～10時には寝ていた様な気がする。

（高学年の頃は不明だが、夜10～11時には寝ていたのではないかとと思われる。）

ちなみに私は、
小さい頃（幼稚園～小学二年のどこかで）習字に通った（が半年と保たなかった）のと、
小学4～6年にそろばん塾に通った（2級まで取ってやめた）以外は、
学習塾には通っておらず、家庭教師もつけなかった。

ただ、宿題は、下校してから遊びに出かける前には済ませていたし、
夏休みの宿題も、（日記や自由研究など以外は）最初の1週間で片付けてしまう子供だった。

本は結構読んだが、小説などの文学作品よりも
ファール昆虫記とか、学研マンガ「ひみつシリーズ」、それからやはり学研の「科学」なんかが好きだった。

小学5、6年くらいには、何故か鼻血が出やすく、朝起きるとよく、枕が鼻血まみれになっていた記憶がある。
また、小中学生の頃は、（特に熱を出したりすると）よく、脈絡のない悪夢（登場人物なし、例えるならば、ドリルで地下にどんどん潜っていく様な感じ）を見てうなされた記憶がある。

風呂はほぼ毎日入っていたものと思われる。

＊髪は結構長く、ショートヘアの女の子程度の時も多くあった。
（小さい頃は女の子と間違われた事もよくあったらしい。）

＊私は生来左利きだった様だが、
小学生一年からは右で字を書く様に「矯正」され、
習字やそろばんも右手でやった。
これら右手を使う訓練は子供心につらかった記憶がある。
（特に辛かったのは、小一の時の「書き方」の授業で、手本をうまくなぞれなかった！）
一方で、（大学院の頃、訓練して右で持てる様になるまでは）箸はずっと左で持っていたし、
絵を描いたりボールを投げたりするのは左手でするのを許されていた。
[
今思うと、この両手を適度に使う状態が続いたことにより、
右脳と左脳がバランスよく発達し、論理的思考と（脳内映像等による）直感的思考とが
うまく結びつく様になったのかも知れない。
]

< 中学生時代 (1981.4 - 1984.3) >

実家に住み、両親に扶養されていた。

この頃も朝起きたのは多分6時半前後で、
部活（野球部）の朝練があった時だけ6時（あるいはそのちょっと前）に起きていたのではないと思う。

就寝は夜中の12時を超える事は滅多になかった筈である（多分、夜11～12時の間が多かったのではないか）。
（一度、定期テスト前の準備で午前1時頃まで起きたら、翌日体調を崩して学校を休む羽目になった事がある。
徹夜、一夜漬け、などはもっての外であった。（これは多分、体質的なものである。））

（夕方6～7時頃）部活や生徒会活動などから家に帰って夕食を済ますと
あとは大体1日2～3時間前後、授業の復習（&予習）をしていた。
（ちなみにこの頃は、宿題は主に休み時間や昼休みなどを利用して済ませていた。）

この頃も（3年の夏休みに少し夏期講習に通った以外は）学習塾などには通わなかった。
夏休みの宿題は、基本的に小学時代と同じ。

ちなみに、（記憶が定かではないのだが、）
中学2～3年頃から、休み時間あるいは昼休みに仮眠を取るようになっていたのではないかとと思われる。
（高校の頃にはそれが定着していた。）

風呂はほぼ毎日入っていたものと思われる。

＊髪は、校則により（？）、丸刈りだった。

< 高校生時代 (1984.4 - 1987.3) >

実家に住み、両親に扶養されていた。

高校に（歩きも含めて）片道1時間半かけて通わなくてはならない関係上、
5:50 am 頃に起きていた（筈である）。
朝7時頃（御花畑発）の電車（秩父線）に乗って（熊谷の2つ手前の）石原まで電車に乗った。

部活（ハンドボール同好会>体操部）を終えて家に着いたのは（多分）夕方7時ごろ。
その後、夕食を済ました後は大体1日2〜3時間前後、主に授業の復習（&予習）をしていた。
この頃も学習塾や予備校には通わなかったが、通信添削（学研とZ会）は受けた。
（この頃もやはり、宿題は主に休み時間や昼休みなどを利用して済ませていた。）

就寝は（多分）夜中の12時前後で、午前1時まで起きていることは減多になかった（筈である）。

土日祝日は家で家庭学習していた筈である。

この頃には、休み時間あるいは昼休みに仮眠を取る「習慣」は定着していた。
（また、部活で柔軟運動や筋トレ（特に腹筋）をしている最中に寝入ってしまうことも時々あった。）
（ちなみに、電車に乗っている間は（座っているか立っているかに関わらず）大抵仮眠を取っていた。）

風呂はほぼ毎日入っていた筈である。

*髪は短め（でもスポーツ刈りよりは長め）の 때가多かった。

< 大阪大学時代（教養&学部）（1987.4 - 1991.3） >

実家から遠く離れていた（川西 or 池田）が、両親に扶養されていた（月々10万円くらいの仕送りがあった）。
（ちなみに、家賃は月2万円前後、また、当時は食費が安かついた（多分今の半分程度）（ただし飲みは除く）。）

大学になると朝礼とかに出る必要がないので、ちょっと遅くまで寝られたような気がする。
でも、大抵は一限から授業（講義）があったので、遅くとも7時半には起きていたのではないかな。
（ただし、（非常にまれに）前夜飲み過ぎて二日酔いになったりした時は、昼過ぎまで寝ていることもあった。）
大学2年の冬あたりからは、週2回（？）は、
合気道大阪支部の道場（大阪ミナミの辺りにある）の朝練に通う為に朝5時半頃に起きていた。
（日曜日は（阪大のホームベースの）池田道場にほぼ毎週（午前中）通った。）

授業（講義、もしくは実験）は結構遅くまであった（四限の終わりは夕方5時、五限の終わりは夕方7時ごろ）し、
部活（合気道部）があった時には、その後大抵その後仲間と一緒に夕食（そしてときどき飲み）に行くので、
かなり帰宅が遅くなることもあった（夜9時〜12時過ぎ）。

土日祝日は、（部活の行事がある時以外は）アパートで自己研修していた筈である。

週に一、二回程、塾講師のアルバイトがあった。（通勤入れて、夕方5〜9時頃？）

飲みに行った時以外は、夜、アパートで授業の復習や自己研修（数学や物理学関係の本を読む）を行っていた。
就寝は、（飲みに行った時以外は）夜12時前後か。

なお、当時はほぼ毎日のように銭湯に通っていた。（銭湯も安かった。）

（休み時間あるいは昼休みの）仮眠は定着していた。

*髪は短め（でもスポーツ刈りよりは長め）が基本だったが、
暫く切らずに長くなってしまったこともあったかも知れない。

< 大阪大学大学院理学研究科時代 (1991.4 - 1996.3) >

修士の2年間は両親に扶養されていた（実家から仕送りを受けた）が、
博士の3年間は自活した（一年次の育英会奨学金&二、三年次の学振研究員（DC））。（以後、ずっと自活）
（引き続き、池田のアパートに住んだが、阪神淡路大震災の被害のせいで、
博士3年の1月には退去を余儀なくされ、京都のアパートに引っ越した（これも家賃月2万円ちょっと）。）

当時は、一限から授業があるのはまれだったが、
取り敢えず研究室に自分の椅子（&机）があるので、朝9時頃には研究室にいた可能性が高い。
従って、どんなに遅くとも朝8時には起きていた筈である。
（ただし、（まれに）飲んで夜遅くまで過ごした翌朝はその限りではない。）

この頃は、授業以外は、（必須の）セミナーか（自主参加の）勉強会、そして、それ以外は
セミナーや勉強会の準備か、もしくは与えられたテーマについてひたすら勉強 or 研究した。

そして、（部活に出る時以外は）夕方6〜7時頃に研究室の学生達で連れ立って夕食に出かけた。
（たまに（月2、3回？）研究室で飲みに出ることもあった。）
（（時々）部活に出た時には、その後飲みに行く確率も高かった。）

（飲み以外の）夕食後は、暫く勉強 or 研究を続けてから、（多分）遅くとも夜10時には帰途に着いた。
（ただし、博士論文の追い込み時期（博士3年の12〜3月、とりわけ京都に引っ越し後の1月〜）には、
研究室のソファで仮眠を取りながらずっと博士論文の執筆&発表準備をしている事も時々あった。）

（この頃はあまり、（平日は）アパートでの自己研修はしてなかったのかも知れない
（何故なら、物理&数学は研究室でこたま（そしてかなり自由に）出来るから）。
せいぜい英語（ヒアリング）の訓練くらいか、。。。）
就寝は、（飲みに行った時以外は）夜12時前後か。

土日祝日は、基本的にアパートもしくは研究室で研究もしくは自己研修をしていた筈である。

修士の頃は週一、二回、塾講師のアルバイトがあった。（通勤入れて、夕方5〜9時頃？）
（また、teaching assistant というのが修士もしくは博士1年次にはあった気がするが、
どんなだったか、あまり覚えていない。）

部活や合気道大阪支部の道場の朝練は時々出た。
（日曜日は（阪大のホームベースの）池田道場あるいは他の道場のいずれかにほぼ毎週通った。）

この頃は冬になるとスキーによく行った（平均雪上日数：10〜15日／シーズン）。

当時もほぼ毎日のように銭湯に通っていた。（銭湯も安かった。）

仮眠は割と自由に取れた。（大抵は自分の机、たまにソファを使う事もあり）

*髪は短め（でもスポーツ刈りよりは長め）が基本だった。

< 京大基礎物理学研究所（基研）時代 (1996.4 - 1999.3) >

自活した（学振研究員（PD））。（アパート家賃月2万円ちょっと）

当時は、（学生ではないので）授業はもうなく、研究をするのが「仕事」だったが、
確か朝9時前には研究室にいた筈である。
（晴れているときはアパートからランニングで京大まで行き、グラウンドを2、3周していた記憶がある。）
従って、恐らく、朝7時には起きていた筈である。
（ただし、（非常にまれに）飲んで夜遅くまで過ごした翌朝はその限りではない。）

この頃は、授業はなく、（自主参加の）セミナーか勉強会、そして、それ以外は
セミナーや勉強会の準備か、もしくは自分のテーマについてひたすら勉強 or 研究した。

そして、大体夕方6〜7時頃に一人もしくは研究所メンバーと連れ立って夕食に出かけた。
（たまに（月2、3回？）研究所メンバーと飲みに出ることもあった。）

（特に、阪大時代の先輩がキャバクラが好きで、私もたまに連行されることもあった。
（ちなみに私は話し下手なのでキャバクラは苦手である。））

（飲み以外の）夕食後は、暫く勉強 or 研究を続けてから、（多分）遅くとも夜10時には帰途に着いた。
（ただし、三年目は、夕食後すぐに帰っていたかも知れない。）

（一、二年目はあまり、（平日は）アパートでの自己研修はしてなかったのかも知れない
（何故なら、物理&数学は研究室でしこたま（そしてかなり自由に）出来るから）。
しかし、三年目になると、英語の訓練および生物学&生物物理の勉強をアパートでした。）
就寝は、（（まれに）飲みに行ったら午前様になった時以外は）だいたい夜12時前後か。

土日祝日は、基本的にアパートもしくは研究室で研究もしくは自己研修をしていた筈である。

（遠いので、）部活や合気道大阪支部の道場の朝練はほとんど出なかった。
（最初の二年間は、日曜日は（阪大のホームページの）池田道場あるいは他の道場のいずれかにほぼ毎週通った。）
（三年目は、日曜日は京都にある居合道の道場で居合を習った。）

最初の二年間は、冬になるとスキーによく行った。（三年目は色々あってあまり行けなかった。）

当時もほぼ毎日のように銭湯に通っていた。（銭湯値上げ始める。）

仮眠は割と自由に取れた。（大抵は自分の机）

*髪は短め（でもスポーツ刈りよりは長め）が基本だった（筈）。

< 名古屋大学大学院理学研究科物理学教室時代 (1999.4 - 2002.6) >

自活した（育英会奨学金&アルバイト（北部食堂、etc.）&預貯金取り崩し）。（アパート家賃月2万円ちょっと）
この時期は、授業料（半額）免除や国民年金保険料の納付猶予等をしばしば受けた。
（猶予された国民年金保険料は、その後すべて納付した。）

再び学生に戻り、
大抵は限から授業（講義）があったので、遅くとも7時半には起きていたのではないかな。
この頃は、授業以外は、（必須の）セミナーか（自主参加の）勉強会、そして、それ以外は
セミナーや勉強会の準備か、もしくは与えられたテーマについてひたすら勉強 or 研究した。

そして、大体夕方6〜7時頃に一人で夕食に出かけた。
（週（平日）一、二回程度）北部食堂のバイトが入った時は夕方5〜8時頃（？）バイトで、
バイトの終わりに夕食が出された。
（たまに（月1、2回？）研究室もしくは北部食堂のメンバーと飲みに出ることもあった。（ほとんどはパーティ））
この頃は、夕食後、帰宅することが多かった様思う。

帰宅後、授業等の復習、もしくは英語の訓練、あるいはコンピュータ関係の勉強等をアパートでした。
（英語の訓練のため、NHK ニュースや海外ドラマ等、（副音声で）英語が聴けるものは積極的に英語で視聴した。）

就寝は、（（まれに）飲みに行ったら午前様になった時以外は）だいたい夜12時前後か。

土曜日は北部食堂（中華コーナー）でバイトがあり（午前11時頃〜午後2時頃（？））、バイトの終わりに昼食が出た。
日曜祝日は大抵、単発（朝から夕方まで）のバイトが入った。

土日祝日は、バイトや居合道以外の時間は、基本的にアパートで自己研修していた筈である。

週一、二回、居合道の稽古のため、七宝まで電車で通った。
（合気道の稽古はバッタリ止まった。）

スキーに行くのはバッタリ止まった。

バイト等の関係で不規則になったが、行ける限りは銭湯に通った（最低でも隔日）。（銭湯値上げ続く。）

仮眠は、休み時間や昼休み、もしくは研究室にいる時（大抵は自分の机）に取った。

*大阪、京都、名古屋の大学周辺は、「学生の街」であり、
安く夕食が食べられる店が沢山あったため、夕食を自炊するのはまれだったと思う（土日祝日くらいか）。

*髪はどうだったか、あまり覚えていない。（丁度、「過渡期」にあたる）

< 国立遺伝学研究所（遺伝研）時代（2002.7 - 2009.9） > （この時期が一番生活が荒れていた時期である）

自活した（研究室の謝金／（仮称）GGINP雇用研究員／企業雇用研究員 & 預貯金取り崩し）。（家賃月5万円程度）

朝9時には必ず研究室にいる様にしていたので、遅くとも朝7時半には起きていた筈である。
（たまに（就寝が朝5時過ぎの時）、朝8時に起きて研究室で朝食を摂った事もある。）

授業はなく、週一回の研究進捗会議以外では、（自主参加の）セミナーか勉強会、そして、それ以外は勉強会の準備か、コンピュータ管理関係の仕事（これが意外とネック）か、もしくは自分のテーマについてひたすら勉強 or 研究した。
（2006年夏頃からは、（仮称）GGINP アルゴリズムミーティングが週一程度入るようになった。）

（多分）遺伝研に移って1～2年は、夜9～10時には帰宅しており、
夕食は（準備片付けの時間を省くため）スーパーかコンビニで買った弁当や何かで済ませた。
（その頃は自己研修として、主に英語の訓練を行なった。）
それが段々遅くなって行き、帰途に着くのが夜中の12時を超え、午前2、3時になる様になって行った。
（それでも、その朝9時には研究室にいた。）
（そして、（（仮称）GGINP での）自分らのチームの進捗報告準備の為、徹夜になることも何度かあった。）
その後、（2008年3月末に）（仮称）GGINP を解雇になると、帰途に着くのが夜中12時前にまでは戻った。
（夕食に関しては、2007年くらいから、遺伝研内で食堂営業が始まり、
また、2008年くらいからは近くで弁当屋（「しぞーかおでん」の、、名前忘れた）の営業が始まり、
重宝するようになった。）

土日祝日も、基本的には研究室に通って業務を行った。（ただし、滞在時間8～10時間程度か）

飲みに行くのは研究室（もしくは（仮称）GGINP）のパーティがある時（月一程度）だけで、
非常に忙しい時には欠席する事すらあった。

この頃はバイトは一切行わなかった。
居合、合気道、スキーはパツパツ止まった。
その他、趣味は一切やらなかった（そんな時間はなかった）。
唯一の「娯楽」は、（帰宅後）「夕食」時に見るテレビくらいだったが、
帰宅が夜12時過ぎた時は、NHK教育の「高校講座 xx」を、
帰宅が午前2、3時を過ぎた時は、フジテレビ（？）の
「ケータイ刑事」（再放送）「恋する日曜日」（再放送）
からの「めざにゅー」、もしくは日本テレビの「おは4」等をよく見ていた。
（そして就寝し、どんなに遅くとも8時には起きて9時には研究室にいた。）

（遺伝研に移って初めの頃は、英語の訓練のため、
NHK ニュースや海外ドラマ等、（副音声で）英語が聴けるものは積極的に英語で視聴していたが、
（次第に帰りが遅くなった為、）それもだんだんできなくなって行った。）

風呂は、銭湯は近くになく、アパートについている風呂に週一、二回程度入った。

仮眠は大抵自分の机のところ（頭がフリーズした時に取った）。
（忙しくて仮眠を取り損ね、却って、データやプログラムを消去する等、失敗する事も多かった。）

*この当時は、（普段はめったに医者にかからなかった私が）
（2006,7,8年頃に）細菌性胃腸炎や帯状疱疹等で医者にかからなければならぬ程
体が弱り切っていた。（死を覚悟したのは一度や二度ではない。）

*この当時も、（時間がなかったし、準備する気力もなかったので、）自炊はほとんどしなかった。

*髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。

（行きつけの床屋に行くと、「いつもの奴」で通じた。）

< University of Houston (UH) 時代 (2009.9 - 2011.6) >

自活した (research scholar (研究員)) 。

キャンパスの一角にある大学の寮に住んでいた。(家賃は(光熱水道料など全て込みで)月一千ドル程度)
(ちなみに、車がないと非常に不便な環境の中、車(自転車すら)なしで約二年間を過ごし切った。)

UH 周辺はセキュリティがあまり良くない地域として知られていたのも、
私はできる限り夜間は一人で出歩かない様にした。

その結果、「朝、日の出と共に起きて、夕、日の出と共に寮に入る」生活を続けた。
(寮から研究室までは歩いて10分とかからないので、平均12時間/日の研究室(付近)滞在となる。)
日の出と共に起きるために、その1時間半くらい前(大体4時半前後)には起きていた。

当時は、(学生ではないので)授業はなく、研究をするのが「仕事」だった。
(自主参加の)セミナーに参加する以外は、自分のテーマについてひたすら勉強 or 研究した。
(何故か、進捗報告会議等はほとんどなかった。(年に一回程度))

夕方、寮に帰った後は、夕食を自分で作り、食べて片付けてからは、
主に遺伝研の時にやり残した研究を「宿題」としてやるか、
UH の時に考案した(助成金申請用の)プロジェクトの準備をした。
あまりよく覚えてないが、就寝は夜11時前後か。

(なお、金曜の夕方だけは、「自分へのご褒美」として、寮の近くの中華料理屋で夕食を食べた。
(この水餃子が美味かった!))

時間が余った時は、テレビ(CNN News, Weather, Natural ???, History, Discovery 辺りをよく見た)
を見たり、YouTube の動画
(昔(主に1970年代)のアイドル(非常に多数!))、昔(主に1970年代)のアニメ、ドラマ、
(当時)最近のアイドル女優(特に真野恵里菜さん、黒川芽以さん、岡本杏理さん、大政絢さん、小出沙織さん辺り))
を見たりした。

時々(平均して週一回程度)、UH の合気道クラブ(Cougar Aikido)に通った。
(居合、スキーはパツリ止まったまま。)

土日祝日は、学校は閉まっているため、研究室に出ることはほとんどなく、
朝に4キロ程離れたスーパーマーケットに「買い出し」に言って帰って昼寝してから、
昼食としていわゆる「TVディナー」を食べるのが習慣となった。
(午後はアパートで主に研究もしくは「宿題」。)

風呂は、アパートについている風呂に週一、二回程度入った。

仮眠は大抵自分の机のところ(頭がフリーズした時に取った)。
(これを見た監督や同僚たちがどう思ったかは定かではない。)

*家族に心配かけない様、月一回は現状を知らせる手紙を書いて、姉にメールで送った。
(郵便局が非常に遠くにあるため(セキュリティの心配もあり))

*髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。
(私は辞書で調べて、「crop」という動詞を使ったがあまり通じず、「cut」と長さの指定(約1/4インチ)で何とかした；
どうやらその地域では「shave」がよく使われている様だった。)

*上記の様に、セキュリティ上の理由から、この時期は健全な生活にならざるを得なかった。

*帰国する際には、お世話になった方々とハグをした。
(女性5人くらいとハグした記憶がある。何故か男性は一人もハグしてくれなかった、、、嫌われていたんだろうか?)

*渡米後数週間くらいと、帰国後二ヶ月間くらいは、調子が悪く、研究もあまり進まなかった。
(多分、時差ボケのせいだが、持病とも関係があったのかも知れない。)

< 総研大葉山時代 (2011.7 - 2013.4) >

自活した（研究員）。

横須賀にアパート（1Rマンション）を借りて住み、バスに（片道）30分くらい乗って大学に通った。（家賃月5万円程）

この時期も、UHの頃と若干似た様な生活リズムだった。

即ち、朝5時前に起床し、朝6時ちょっと過ぎのバスに乗って、朝7時には研究室にいた。

そして、夕方5時半頃に研究室を出て6時半頃には横須賀にいた。

横須賀では、外で夕食を食べてから大体午後8時前後にアパートに帰った。

（従って、この時期も自炊はほとんどしなかった。）

当時は、（学生ではないので）授業はなく、研究をするのが「仕事」だった。

（必須の）研究室セミナー&ジャーナルクラブ、および（自主参加の）セミナーに参加する以外は、自分のテーマについてひたすら勉強 or 研究した。

夜、アパートに帰った後は、主に、

UHの時にやり残した研究を「宿題」として片付けていた。

就寝は、おそらく夜中の12時前後。（まれに、「宿題」が終わらず、午前1時を越す事もあった。）

土日祝日は、主に、研究室で研究しているか、アパートで「宿題」をしていた。

（昼食はコンビニ弁当で済ますか、横須賀の食堂で食べた。

特に、日曜の昼食は大抵、しゃぶしゃぶ屋で豚しゃぶ（野菜おかわり自由）を食べた。）

居合、合気道、スキーはパッタリ止まった。

あまり動画等も見なくなっていた。

（この頃の英語の訓練は、夜9時からのNHKニュースを副音声で聞くのが主だった。）

風呂は、アパートについている風呂に週一、二回程度入った。

仮眠は大抵自分の机のところ（頭がフリーズした時に取った）。

*髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。

*この時期は、（平均睡眠5時間未満/日と）少し無理しすぎていたせいもあってか、
再び体調が悪くなり始め、「**次（の研究室）で最後にする**」と決心した時期でもあった。

< 九州工業大学時代 (2013.4 - 2016.9) >

自活した（非正規雇用職員&預貯金取り崩し）。

最初は、大学のすぐ近所のアパート（家賃月5万円強）に住んでいたが、

半年程してから大学職員の宿舎に引っ越した（家賃月2万円弱）。

（前者は研究室まで歩いて10分程度、後者は歩いて20分強。）

この頃も葉山時代と若干似た様な生活リズムだった。

朝5時半ごろ起床し、朝7時までには研究室にいる様にした。

そして、初めの一年くらいは、学食で夕食を取り終わってから夜6時頃に帰途につき、

アパート（宿舎）に帰ってからは「宿題」をしていた。

その後は、帰途に着くのが夜8時くらいになり、

アパート（宿舎）に帰ってからは「宿題」、組長業務、引っ越し準備等をしていた。

就寝は恐らく夜11時~12時頃か。

基本的には、研究するのが「仕事」だった。

初めの頃は、研究室のセミナーやジャーナルクラブにも参加していたが、

後に、研究に専念する為、それらへの参加を免除してもらった。

（でも結局（「私に起こった出来事」で説明した様に）色々あって、研究には専念できなかった。）

土曜は、朝から午後3、4時頃まで研究室で研究し、アパートに帰って風呂に入ってから

自家製の「野菜たっぷりラーメン/スパゲッティ/そば」等を作って食べてから

洗濯等のたった家事を片付けた。（季節により、風呂と食事の順序は前後）

日曜祝日は、朝から夕方まで研究室で研究して、夕食を近くの食堂で食べてアパートに帰り、
「宿題」、組長業務、引っ越し準備をした。

居合、合気道、スキーはパッタリ止まったまま。
土曜深夜の「ケータイ大勝利」を見るのが楽しみだった。
（この頃の英語の訓練は、夜9時からの NHK ニュースを副音声で聞くのが主だった。）

風呂は、アパート（宿舎）についている風呂に週一、二回程度入った。

仮眠は大抵自分の机のところ（頭がフリーズした時に取った）。

＊髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。

＊2015年度には宿舎の組長を務めたが、これも色々大変で、研究にあまり専念できなかった。

＊この時期は、（睡眠など）時間的には葉山の頃よりはマシだったが、
（「私に起こった出来事」で記述した様に）様々な出来事があった為、精神的に疲弊し、体調も悪いままだった。

< 秩父（実家）時代1 (2016.10 - 2017.11) >

自活した（預貯金取り崩し）。
（ちなみに、2016.10に秩父に帰って以降、
失業保険、雇用保険、公的扶助、年金、etc. の世話には一切になってないし、
国民年金保険料や国民健康保険料等もきちんと納付している。
（ただし、無収入の関係上、地方税の納入額は次第に減り、やがてゼロとなった。））

この時期は、「**病氣療養**」が生活の中心テーマの一つとなっていた。
また、自分で家事（特に三度の食事の準備と片付け）をせねばならないこともあり、
研究に割ける時間は1日当たり2～5時間程度だった。

台所等の利用が父とぶつからない様に、
まず、朝4時頃起きて、朝食を準備、摂取、片付けし、朝6時半くらいから一度目の仮眠を30分前後取り、
起きてから（療養の一環の）ウォーキングをして、朝10時頃から近所のスーパーに買い出しに出かけ、
午前11時頃から昼食を準備、摂取、片付けし、12時半頃から二度目の仮眠を1時間前後取り、
夜8時頃から夕食を準備、摂取、片付けして、その後歯磨きや柔軟体操などをして、夜11時ちょっと過ぎに寝る、
といったリズムだった。（実際には日によってかなりの変動があり。）
（研究は（その他の活動同様）、二度目の仮眠後から夕食準備までの約6時間の間に行った筈である。）

基本的に、土日祝日もリズムは変わらなかった。（ただし日曜は、大河ドラマと夕食時間を合わせた。）

居合、合気道、スキーはパッタリ止まったまま。
（この頃は、テレビは家族（父）と一緒に視聴していたので、NHK ニュースを副音声で聴く訳にもいかず、
英語の訓練は、朝食準備～片付けまでに、教材のCD をウォークマンで聴いて補った。）

風呂は、実家の風呂に週一、二回程度入った。（ただしシャワー&身体洗浄だけ。）

研究中、頭がフリーズしそうな時には、机のところで仮眠を取った。

＊髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。

＊この時期はよく様々な医療機関に行って検査をした。（頭部の異常を疑っていた、、ある意味、正しかったが、、）

＊ 2016年12月頃～2017年5（6？）月頃まで（名古屋大時代の先輩の陰謀で）facebook をやってたが、
（20人くらいしかいない）「お友達」の動向をフォローするのがしんどかったので、
その「本来の目的」（＝名大時代の後輩と連絡を取る事）を果たした後で辞めた。

< 秩父（アパート）時代 (2017.11 - 2019.10) >

自活した（預貯金取り崩し）。

（ちなみに、（以下同文）。）

この時期の始めは、私の睡眠障害（ナルコレプシー？）が発覚した直後で、
「薬で治るかもしれない！」と希望を抱いた時期だったが、
色々試した結果、薬を飲んでもほとんど良くならず、却ってめまいなどして気分が悪くなったりしたので、
次第に希望が絶望に変わって行った。
結局、（これまでと同様、）仮眠をとる事で対応することになった。

この頃は誰にも邪魔されることがなかったので、
基本的に、起床時間は日の出前後に設定し、それから（療養の一環の）ウォーキングに出かけて
朝食を準備、摂取、片付けし、一回目の仮眠（一時間前後）をとり、（注：冬季は、ウォーキングは仮眠の後）
朝10時頃に近所のスーパーに買い出しに出かけて、（以下、秩父（実家）時代1と同様）、夜11時ちょっと過ぎに寝る、
といったリズムだった。（実際には日によってかなりの変動があり。）
（ただし、（研究などが長引くと、）就寝は夜12時を過ぎる事もたびたびあった。）

（研究は（その他の活動同様）、二度目の仮眠後から夕食準備までの約6時間の間に行った。）

基本的に、土日祝日もリズムは変わらなかった。
（ただし日曜は、「自分へのご褒美」として、近く中華料理屋で昼食を取り、また、大河ドラマと夕食時間を合わせた。）

居合、合気道、スキーはパッタリ止まったまま。
（この頃は、再び、英語の訓練として、夜9時からの NHK ニュースを副音声で聞き、更に、
しばしばEテレの「ドキュランドへようこそ」や「地球ドラマチック」等も副音声で視聴した。）

風呂は、アパートについている風呂に週一、二回程度入った。（ただしシャワー&身体洗浄だけ。）

研究中、頭がフリーズしそうな時には、机のところで仮眠を取った。

*髪は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだった。

*この頃は、（アパート（のユニット）には私以外だれもいないので、）夏になると、
パンツ丁、タンクトップ丁の「超ウルトラクールビズ」を実施して、エアコン等の電気代を節約した。
（もちろん、訪問者があった時には、短パンをサッと履いて対応した。）

*この頃は東京にある某私学付属病院の睡眠センターに通院していた。
最初は月一だったのが、やがて、隔月、三ヶ月に一回、とだんだん間隔が空いていき、最後に半年に一回になった。

< 秩父（実家）時代2 (2019.11 - 2020.9) >

自活した（預貯金取り崩し）。
（ちなみに、（以下同文）。）

引き続き、「病氣療養」は主要テーマの一つだが、研究も大詰めを迎え、
また新型コロナが蔓延しだした為、
少しずつ生活リズムも変化していった。

実家に戻った頃は、（アパートの頃同様）日の出に合わせて7時に起床していたが、
父との衝突を避ける為、
3月以降は起床を日の出に合わせてだんだん早め、6月には 4:20 am に起きる様になってそれがそのまま定着した。
また、ウォーキングは実家に戻ってからも続けたが、研究時間を増やす為、5月頃からウォーキングは止めた。
また、新型コロナ対策として、緊急事態宣言が出されてからは、スーパーへの買い出しは三日に一回に減らした。
（結果的にこれも、（買い物後のウィルス除去作業の頻度を減らすことにより、）
研究（or 作業）時間を増やすことに繋がった。）
更に、6月以降は、これも研究（or 作業）時間を増やす為、
夕食はカロリーメイトもしくはゼリー状携行食で済ませる様になり、
9月に入ってから、昼食もカロリーメイトもしくはゼリー状携行食（およびおかず少々）で済ませる様になった。
（夕食の時間は、夜9時頃からだんだん遅くなり、6月以降にはしばしば夜中の12時過ぎになった。）

（同様に、就寝時間も、最初は夜中の12時前後だったのが、特に6月以降、午前2時前後になることもしばしばあった。）

これまで同様、**仮眠**は、朝食後に一回目を（1時間程度）取り、昼食後に二回めを（はやり1時間前後）取り、その後、研究（or 作業）中に頭がフリーズしそうになったら、机のところで更に仮眠を取った。

（研究は（その他の活動同様）、主に二度目の仮眠後から夕食準備までの約6時間の間に行ったが、時間的余裕があるときは、昼食準備前にも少し（せいぜい1時間程度）だが行った。）

基本的に、土日祝日もリズムは変わらなかった。（日曜も、大河ドラマは特に見なかった。）

居合、合気道、スキーはパツタリ止まったまま。

（この頃は、再び、NHK ニュースを副音声で聴く訳にもいかないので、英語の訓練は、朝食準備～片付けまでに、教材のCD をウォークマンで聴いて補った。新型コロナ対策で、4月以降、昼食&夕食を自分の部屋で食べる様になってからは、昼食摂取時にも教材のCD を（ここでは CD ラジカセで）聴く様になった。）

風呂は、実家の風呂に週一回程度入った。（ただしシャワー&身体洗淨だけ。）

*髪は、最初は、丸刈りにして、二、三ヶ月伸ばし、また丸刈りにする、というサイクルだったが、3月ごろに新型コロナが流行り出してから、（怪しい咳が出たりしたので）床屋に行けなくなり、その後、半年以上髪を伸ばし続けているが、まだ床屋には行っていない。

*新型コロナが3(?)月に蔓延し始めてからは、感染拡大防止の為、居間への立ち入りを一切やめ、その結果、テレビは全く観なくなった。

*この期間は、新型コロナの影響で、結局一度も睡眠センターには通院できなかった。

*6月以降は、「もうこれ以上身体を保たせる必要もない」との判断から、かなり無理をすることが多かった。1日も早く「全てを終わらす」事に専念したのだ。

< 補足 >

*大阪大学時代からは、（持病の腰痛を軽減する為）腹筋&背筋運動と柔軟体操を夜するのが日課だったが、名古屋大時代以降は、それらは大抵、英語の訓練（NHK ニュース等の視聴）と一緒にすることが多かった。（2020年6月以降は、研究&作業の時間を増やす為、やめた。）

*歯磨きは、小学生の頃は（学校の勤めで）1日3回やってたが、中学からは1日2回（朝食後と寝る前）となった。基研に居た頃から、歯茎の摩耗が気になり始め、（多分）三島の頃から、歯磨きは1日1回（寝る前）となった。秩父に帰ってからは、歯磨き以外に、毎食後、塩水で口を「高速ゆすぎ」する様になった。

*朝食は、大阪大学の1、2回生の頃は、ご飯と味噌汁を作ったりした事もあったが、その後、次第にパンと牛乳（+果物、ヨーグルトなど）のスタイルが定着していった。（これは、昼食、夕食がかなり変化しても、変わらなかった。）

*大阪大学時代以降（秩父に戻るまで）は、平日の昼食は大抵、学食もしくはカフェテリアで済ませた。遺伝研時代の前半は、（食堂がなかったので）弁当を買って食べたりしたが、後半は食堂ができたのでそれを利用した。

*大阪大学時代以降（秩父に戻るまで）は、平日の夕食は、もしも学食もしくはカフェテリア等が営業してればそれを利用し、そうでない時期は、自炊する（UH 時代）か、アパートの近所の食堂／レストランで済ませた（葉山時代）。

*秩父に戻って以降、昼食、夕食は自分で準備したが、できるだけ時短を図る為に、冷凍野菜を電子レンジで解凍してそのまま（ちょっと味付けして）食べたり、緑黄色野菜は手でちぎって、蒸し器に入れて、電子レンジで蒸して、そのまま食べたりした。こうする事で、包丁&まな板を洗う手間を省き、また、

調理した容器をそのまま「食器」として利用することにより洗い物の量を半減させた。
更に、調理に油はできるだけ使わない様にした。（従って、蒸す&煮る&茹でる、が主体）
こうすることにより、後片付けを楽にした。

*大阪大学時代以降、（秩父（実家）時代1を除き）洗濯は自分でしたが、
合気道をやっていた頃は（道着を洗うため）週二、三回洗濯し、
合気道をやらなくなっただけからは週一回が定着した。
そして、ANEX プロジェクトの追い込みの2020年7月からは（研究 or 作業の時間を増やす為）洗濯しなかった。
（すぐに全てを終わらすつもりだったのが、記録に予想外に時間がかかり、洗濯物が積もっていった。）

*ちなみに私は、いつの頃からか、生ゴミはビニール袋に入れて冷凍庫に入れておく様になった。
こうすることにより、（ゴキブリ等の）虫が台所に寄り付かなくなった。

*1998年11(?)月以降、約10年程の間に「1000時間ヒアリング.マラソン」を3、4回受講した
（その間は1日3時間の英語のヒアリング（リスニング）を目標とした（これはかなり辛かった））が、
受講してない間でも、1日1〜1.5時間のヒアリング（リスニング）は続ける様に努めた
（これは言わば「一人ヒアリング.ジョギング」または「一人ヒアリング.ウォーキング」と言った所だろうか、、、）。
これにより、英語力（特にリスニング&スピーキング力）が著しく衰えるのを防いだが、
英語力の向上には、（文法力や語彙力など）基礎力を鍛える通信講座が役に立った記憶がある。
（私は（何事にしても）実戦よりも基礎的な訓練によって伸びるタイプなのだ。）
又、ライティングに関しては、別会社の「日>英、テクニカル.ライティング」の通信講座を受け、
「英語らしい英文を書く技術」を習得したが、
これが後に（論文執筆や国際的な通信の際に）非常に役に立った。

*ちなみに、科学の分野において、私が英語の文献に初めて（本格的に）触れたのは、
阪大の4年生の時（1990年）の研究室（森田研）のセミナーで、
Landau Lifshitz の“Quantum Mechanics”を輪読した。
その当時は英文をいちいち和訳していたが、それが変わったきっかけとなったのが、阪大博士課程1年の時（1993年）、
自分の論文（英文）を書いて（海外経験の長い）助教授の糸山博士に見てもらったところ、
「和文を英文に直訳すると意味のわからない文になってしまう」と忠告を受けた事である。
その後は、「英語を英語のまま理解する」力を養うために、
英文はできる限り和訳せずにそのまま理解する様に努める様になり、
わからない単語も（英和辞典ではなく）英英辞典で調べる様になって行った。
（上記「1000時間ヒアリング.マラソン」を受講した動機のひとつも、「英語を英語のまま理解する」力の向上である。）
そして、（2002年7月に）遺伝研に移る頃までには、英語で考える力はかなりついてたが、
一方、英>和、あるいは和>英の変換はとっさに出来なくなっていた。
（そしてその状態のまま、現在に至った。）

補遺G：私が「恋した」女性達

残念ながら、私は「**独身、童貞、彼女なし**」のまま生涯を終えることとなったが、
女性に興味なかった訳では決していない。
実は、むしろ、「出会った女性の二人に一人には惚れてしまう」くらい「女好き」であり、
もしも、自分の欲求に忠実に行動していたら、きっと、
「うる星やつら」の諸星中（あたる）や「シティーハンター」の冴羽獠の様であったであろう。
（だから、遺伝研にいた頃に「江澤同性愛説」が流れたのには、正直言ってビックリした（笑）。）

女性に手を出さなかったのには幾つか理由がある：

（い）単にシャイだったから；（ろ）振られるのが怖かった；（は）「女好き」なのがバレて女性に総スカンを食らうのを避ける為；

（に）（大学の）部活では、部の運営に差し障りがない様に、現役の女子部員（とりわけ同期や当時の二、三年）に手を出すのは差し控えていた；

（ほ）そうこうしているうちに、研究その他の業務があまりにも忙しくなり過ぎて、女性を気にかけている時間&精神的余裕すら

なくなった；等々。

そんな訳で、気づいてみると、私は女性とデートすらしたことがなかった。

[

「デート的状况」になった、例えば、女性と二人きりで喫茶店やレストランに入ったりした、ことは数回あるが、お互いに、それをデートだとは認識してなかった筈なので、「デートはしたことがない」と言える。

]

ちなみに、私の家族は相当の面食いで、皆、正統的美女／美男が好きなのだが、何故か私だけはそれ程美形にこだわりはなく、むしろ「かわい子ちゃんタイプ」が好きだった。もっとはっきり言ってしまうと、私は「○リ○ン」の気がある。

[

ただし、2次元（あるいは2＋1次元）にソソられることはない（ただし、桂正和先生の画（キャラ）だけは例外）、一応、公称では「18歳（民法改正前は16歳）未満お断り」となっている。

]

どちらかと言うと、本当の少女より、いわゆる「合法○リ系」とか「小動物系」に惹かれるのかも知れない。

（「○リ系」あるいは「小動物系」の自覚のある女性で、私の熱い視線を感じた気がした事のある方は、それは、気のせいではないかも知れない。）

一般論（例外多々あり）ではあるが、一応、私の好みをあげると：

丸顔、大きな目（ちょっとタレ気味が better）、小さな鼻と口、黒髪ストレート（長さは拘らない）、下ぶくれは可愛いと思うがそうでなくとも構わない、尖ったアゴは好きだがそうでなくとも構わない、小柄、巨乳or微乳には拘らない（形がそれなりによければ良い）、スリム or ポッチャリどちらも OK、くびれたウェスト、健康そうな太もも、おとなしめ、おしとやか、頑張り屋、といった所だろうか。

（でも、（当然ながら）すべての要素を満たす必要はない（そもそも無理か）し、どれも満たさなくても好きになることは多々ある。）

[

ちなみに、好きな髪型は：三つ編みおさげ >> おさげ > ポニーテール > ツインテール = チャイナドレスによく合わせる髪型（「本当はチャイナドレスが好きだけだろ、このスケベ！」って言うのは

なしね）。

あとは、何故か、何かを被（かぶ）っている女性は（普段以上に）可愛く見える。（猫耳なんかは最強クラス）

]

ただし、

私が成人した頃から「男女同権」がよく謳われるようになったからか、

どちらかという外見よりも人間性（あるいは気質）や雰囲気の方が好みのウェイトは高いかも知れない。

そんな訳で、これまでに好きになった女性全てについて語ったら、それだけで一冊の本になってしまいそうだが、そんな本を作っても、きっと誰も読まないだろうから（笑）、

以下、これまでに特に好きだった（あるいは気にかけてた）女性達だけに絞って、語らせて頂く。

小3： 例えるならば、沢田聖子さん（デビュー時）や中島静佳アナのような感じ。

（もっと最近では、朝日奈央さんを更に可愛くした感じか。）

色白で、背は平均より高めの美少女。クラス的女子で一番足が速かった記憶がある。

髪の毛が時々（しばしば？）まるで「アニー」のアフロヘアのようにになっていた。

時折見せる笑顔がまた、たまらなく可愛かったのを覚えている。（確かどちらかに銀歯が入っていたような、、、。）

小4以降、彼女を見るのがなくなったのだが、転校して行ったのだろうか？

（その前にも結構気にかかった女の子は何人かいたものの、）

これが多分、私の「初恋」だ、と断言して良いと思う。

小4～6？： 八木さおりさんの可愛らしさと大沢逸美さんのボーイッシュさを併せ持った様な美少女。

（もっと最近では（デビュー時の）内田有紀さんや黒川結菜さんあたりに雰囲気が似ていたと思う。）

鋭い眼の持ち主だが、時折見せるあどけない笑顔が可愛かった。

彼女も、運動が得意な女の子だった。

私の記憶では、多分、小4の頃に転校してきた。

帰り道が私とかなり被っていて、よく学校帰りに遭遇した。

本当は、声をかけて一緒に帰りたかったが、一緒にバカやりながら帰っている（男の）友人達の手前もあり、声をかけることはできなかった。

小3～中1？： 「男ドアホウ甲子園」の「美少女」をがっちりさせた様な感じの美少女。

（もっと最近では、元村有希子さんあたりに雰囲気が似ているか。）

勉強も運動もトップクラスのスーパーウーマンで、学年（学校？）中の男子の憧れの的だった。
小学時、私は事あるごとに彼女に勝負を挑んでは撃退されていた。
当時は気づかなかったが、今考えてみると、私は彼女に恋していたのかも知れない、、、。

中2-3?：テレビ朝の弘中綾香アナの様な雰囲気、可愛らしい小動物系の女の子。

（客観的に）美人かどうか？と問われると賛否両論ありそうな顔立ちだったが、私にとってはド真ん中ストライクだった。

（私の理解が正しければ、）彼女はある文科系のクラブに所属していた。
ある日、クラスのレクリエーションの時間にソフトボールをやって、私は珍しくホームランを打ったが、彼女が見ていなかったら、凡打（あるいは三振）に終わっていたかも知れない。

彼女に関しては、苦いエピソードがある。

T) ある日、クラスの風紀を取り締まっていた私は、彼女が違反しているのを見つけてしまった。（<こんなばっかし（T

彼女に見逃す様に頼まれたが、頭の硬い私は、「それは出来ない」と断った。
すると、彼女は「江澤君なんか、嫌いよ！」と言った。（恐らく彼女は私に好かれていることに気付いていた。）
私はうらたえたが、つい「勝手に嫌えば良いだろうが！」（という意味の秩父弁）と返してしまった。
（この時、私の唇が震え、顔の左半分が痙攣していたのが、それが本心ではないことを物語っていた。）
それ以来、彼女との仲は前より疎遠になってしまった様な気がする。
（、、、こんなだから、私の恋愛レベルは小学生以下なんだよな orz）

見逃すのはさすがに「エコひいき」になってしまうので、
（どんなに彼女の事が好きでも）私には到底出来なかったが、
何かもっと気の利いた対応は出来なかったものか、今でも考える事がある。
（今でも、彼女の「江澤君なんか、嫌いよ！」が、頭の中でエコーする事がある。）

高校時代： 私が通っていた熊谷高校は、県立の男子校で、同年代の女子はいなかったのも、
家から学校に通う際に乗る片道1時間弱の秩父線の電車の中が、女子高生と空間を共にする唯一のチャンスだった。
そんな女子高生達のなかでも一際目を引いたのが、
薄いグレーのスカートに可愛らしい制服を着た3人の可愛い（&美人の）女子校生達だった。
それぞれ、私の乗る御花畑駅から、1、3、6駅後から乗って来て、寄居駅で降りて行ったが、
私は特に、3駅後に乗ってくる、（3人の中では）比較的髪の高い女の子に心惹かれていた記憶がある。
[
しかし、何故かその顔立ち&容姿の詳細が今でははっきりと思い出せない。
多分、野呂佳代さんのようにちょっとポッチャリ癒し系の美少女だったのではないかなと思うが、、、。
]
当然、奥手な私（達）は、彼女達に声をかけることもなく、ただ盗み見るくらいしか出来なかったが、
三年間、ヤローばかりの高校に居ても心が荒（すさ）まないで済んだのは、
彼女達のお陰だったのかも知れない。

合気道部1代上： デビュー当時の有森也実さんをちょっとぽっちゃりさせた感じ、あるいは（ケータイ刑事の頃の）黒川芽以さんの様な感じ。

色白のぽっちゃり癒し系の、私にとって、まさにド真ん中ストライクの美人。八重歯（？）が覗く笑顔が可愛かった。
心優しい彼女は、私にとって、「女神さま」の様な存在だった。
私が一年の時に散々な目に遭いながらもクラブを辞めなかったのは、
彼女がいた事も理由の一つだったと断言することが出来る。（もう一つは「物凄い達人」の存在。）
彼女の笑顔さえ見れば、私は他に何も要らなかった！！
（しかしながら、「高値の花」だと分かっていたので、アプローチは一切しなかった。）

合気道同期1： 平野ノラさんを更に美しくした感じ。あるいは、川口春奈さんにも少し似てるかも。（要するに美人。）
美人のくせにまったく気取らず、（あまり面白くない）お笑いネタをやる様な気さくなところが好きだった。
心優しいながらも、ちょっと斜に構えたところがあり、後輩男子達からも人気があった。
三十年前に（同期のプレゼント交換会で）彼女からもらったマフラー（市販品）は今も使用している。
私の記憶にある限り、私が生涯で唯一、告白したことのある女性である。

合気道4代下： リンリン・ランランの片割れの様な可愛い女性。

（もっと最近では蔵下穂波さんあたりに雰囲気が似てたかな。ちょっとエキゾチックな雰囲気。）
私がOBとしてクラブのコンパに行ったりすると、よく酒を注（つ）ぎにきてくれた。
（彼女自身がどう思っていたかは定かではないが）彼女と話していると楽しく時間が過ぎていった。
可能ならば、つきあって欲しいとは思ったが、クラブ運営に障るといけないので、グッとこらえて差し控えた。

合気道5代下： 雲田気的には、小池里奈さん（お色気前）、
あるいは片岡安祐美さんを更に可愛くした感じの小動物系（または○リ系）女子。
ルックス的には、斎藤とも子さんを少し（かなり？）幼くした感じの美（少）女。
彼女が失恋した時に元気付けるとつもりで冗談まじり（&本気まじり）で、「やっとこれで口説けるぜ！」みたいな事を言ったが、
（様々な事情および考えの末）結局その後口説くことはなかった。（「懺悔（ざんげ）（一般編）」に詳述。）
その後ちょっと関係がギクシャクした様な、、、却って彼女には大変申し訳ないことをした。

合気道6代下： 吉岡里帆さんをちょっとスリムにした感じ（？）の美（小）女。
私がデートに誘った（と思われても仕方のない事をした）生涯唯一の女性であるが、、、
彼女（そしてその交際相手）には本当に申し訳なかったと思う。（「懺悔（ざんげ）（一般編）」に詳述。）
[ちなみに私が誘ったのは彼女の現役引退後である。]
彼女らの幸せを心より願う。

名古屋時代（居合道）： （「花のあすか組」で風林火山の風役だった）速水昌末（はやみまさみ）さんにどことなく似た、
美少女。
思わず心を奪われるところであったが、私は求愛できる様な立場では全くなかったので、必死に我慢し続け、
やがて、三島に移る為に名古屋を後にした。
彼女は今頃どうしているだろうか？、、、幸せに暮らしている事を心より願う。

SMBE二次的会合: 和久井映見さんや石橋菜津美さんあたりに雲田気が似た美女（ちょっと○リ系？）。
2005年6月(?) にニュージーランドで開かれた、
（国際）分子生物学&進化学会 (SMBE) の年会の二次的会合の一つに、
私が「日本チーム」の一員として参加した時、
同じく「日本チーム」の一員として、
彼女は研究のために駐在していたとある国からやって来た。
当時、私は、遺伝研に移って以降、研究その他の業務が次第に蓄積し始め、
日々の生活をともに営むのすら難しくなりつつある中、
「暫くは（一生？）（恋愛や結婚も含め）女性のことは考えない!!」と決心して間もない頃だったのだが、
彼女を見た瞬間、うかつにも心がトキめいてしまった。
[
私の記憶にある限り、これが私が女性に心トキめいた最後である。（その後はそんな時間的or精神的余裕すらなかった。）
]
会の期間中、（少なくとも私は）それなりに良い感じに交流していた（つもりでいた）のだが、
私が彼女の研究に（あまり覚えていないが）何か配慮を欠いた発言（質問？）をして、
彼女を怒らせてしまい、その後は会話することもなく、彼女は再びその国に、私は日本に帰ることとなった。
[
何故、彼女が怒ったのか、私は実はよく解っていないが、いずれにせよ、大変申し訳なかったと思う。
彼女が、幸せに暮らされている事を心より祈る。
]

九工大： 水野きみ子さん、あるいはフジの遠藤玲子アナ、もしくは
「カノ嘘」時の大原櫻子さんや「まんぷく」のサツちゃん、あたりに雲田気が似た、可愛い女の子。
私がお世話になった研究室に配属になった学生の一人。
体育会系のクラブに所属していたせいか、私がかつて接した阪大合気道部の女子たちの様な「懐かしい」香りがした。
彼女と一緒にいると、冬のとある小春日和の日溜まりの中にいる様な、心地よい気分になった。
、、、彼女は、（当時悲惨だった）私のことを哀れんだ神が遣わしてくれた天使だったのかもしれない、、。
ある日、
「研究室のみんなで、彼女がバイトしてる食堂に行こう！」と誘われた。
私も、本当は、喉から手を出して這いずってでも行きたかったが、
自分が九工大に来た目的を思い出し、断腸の思いで断った。（本当に申し訳なかったと思う。）
、、、彼女にも、是非、幸せになって欲しい。

<私を構ってくれた or 私が気に入った 女性達>

合気道同期2： 持田さん（ELT）や関口奈美さん（気象予報士）をちょっと背を低くした感じの、可愛い小動物系女子。
私のことをなにかと気にかけてくれた女性。
私が引退後、何度かメールのやりとりをしたりしたが、
実は、マルチタスクが苦手な上に体調も芳しくなかった私には、頻繁なメールのやり取りは当時かなりの負担だった。
そこで、療養と研究に集中する為、
メールのやり取りを中断して欲しいと頼むメールを彼女に送ったが、
その中で思わずきつい言葉をかけてしまった。
、、、もう少し言葉を選んでうまく伝えられれば良かったのだが、、、と今は後悔している。

合気道同期3： 「デンジャラス・クィーン」北斗晶さんを小柄にした感じ、あるいは
NHKの「小動物系クィーン」保里小百合アナにもどことなく雰囲気似た、小動物系の可愛いらしい女子。
急に日本酒を一気飲みするなど、挙動が危なっかしくて放っておけないタイプ。
彼女とは、現役引退後もたまに手紙やメールの交換を行ったりした。
私が渡米の際には、お守りと蒸し器を贈ってくれたが、それらは現在も健在である。

合気道部同期4： 「エースを狙え」のお蝶夫人あるいは「ベルサイユの薔薇」のマリー＝アントワネットの様な雰囲気、西洋風美人。
有名人で言うと、、、若かりし頃のあべ静江さんにちょっと似ていたか（ちょっとね）、
あるいは、笑った感じは平愛梨さんあたりに少し似ていたかも、、、。
ゴージャス感満載！！の容姿の割には、言動は結構がさつであった。
だが、私は彼女のそんな（がさつな）ところが却って好きだった。
同期の中では一番最初に結婚した。

合気道部同期5： 「ルパン三世」の峰不二子の様な甘い声とダイナマイトボディーの持ち主。（当然、美女。）
（でも顔立ちは純日本風、、、笑った時の目元等は桜井日奈子さんにちょっと似ている、
が、口元は高橋ひかるさんの方が似てるかも、、、。）
その「萌え〜♡」な姿態と仕草は、クラブ中の男子を虜（とりこ）にした。
よりによって、同期の男子（当然、私ではない）と結婚し、クラブ中の男子を落胆させた。

合気道部同期6： 「半分、青い」の永野芽郁さんの手脚を短くした様な感じの美（少）女。
入部当時は、身体が弱く、泣き虫だったが、
二年になった頃から合気道に目覚め、人一倍稽古をする様になった結果、
幹部の頃には現役で一、二を争う腕前になっていた。
（更に精進を重ねて合気道の達人となる。）
彼女には、度々コンパ芸等に出演(?)してもらったので、我々同期の男子は頭が上がらないところがある。
また、彼女が時々何気なく発する一言が、けっこう核心をついていて、我々男子の胸に突き刺さった。

合気道7代下A： NHKの安倍みちこアナもしくは石橋亜紗アナにどことなく似た雰囲気、清楚な女性。
よく私のところに酒を注（つ）ぎに来てくれたりして、私も楽しい時を過ごさせて頂いた。
[
だが、この時、「そう言えば、各々の年に、何故か同じ部員（主に二、三回生）ばかり酒を注ぎに来る気がする」
と気づいた私は、
「ひょっとしたら、自分は『厄介なOB』のブラックリストに載っていて、接待する『担当』が決まっているのでは？」
と疑念を抱くのであった。
、、、が、尋ねることは怖くて出来なかった。
]

合気道7代下B： そくら辺のアイドルには負けない程の美（少）女。
（川栄李奈さんの様な涼やかな目元の持ち主。全体的には林丹丹さんの様な感じだったかな、、、。）
[
いつぞやのコンパの三（四?）次回で、（他の皆が出かけて）彼女と二人きりにさせられそうになった時、
私が変な顔をしたことがあり、ひょっとしたら彼女は誤解して傷ついたかも知れない。
しかし、それは、
「こんな美人と一つ屋根の下で二人きりになったら、私も理性を抑えきれるか自信がないな、、、」
と言う思いからの表情だったので、どうかご理解頂きたい。（まあ、「逆の意味で怖い」という話はあるが、、、。）
]

]

その時だったか、別の時だったか定かではないが、彼女が「〇〇係」であることに不満を漏らしていた時に、私は

「そんなことはないよ。『〇〇係』は、場合によっては主将さえも抑えられる唯一のポジションで、『大事故』をきっかけに設置された、部の存亡にも関わる、非常に重要な役職なんだよ！」

と、

本当は伝えなかったのだが、(相変わらず口下手なせいで)上手く説明できず、彼女の(役職への)誇り向上、不満解消にあまりつなげられなかったのは、まことに申し訳なかったと思っている。

合気道部1代上妻： 私が合気道部で(恐らく)一番親しかった先輩(1代上)の奥さん。

松本ちえこさんにどことなく似た、可愛い女性だった。

その先輩のお宅でたびたび開かれた泊まりがけの飲み会の際(および翌朝)には、よくお世話になった。

[

(記憶がなくなるまで飲んで、翌日は二日酔いで一日中苦しむ等、)

「若気の至り」と言うか、あの頃は本当に無茶したもんですわ(笑)。

、、、今ではとても出来ない(そもそも酒飲めないし)、、、。

]

体調不良の為にもう行けなくなってしまったが、できればもう一度だけでもお邪魔したかったものである。

合気道部1代下妻： 私がけっこう目をかけていた後輩(1代下)の奥さん。

彼女に似た有名人というと、、、鈴木杏さん辺りに雰囲気似ているかな、、、。

(顔の輪郭や凹凸感が似ている様に思う。日本人にはなかなかない、彫りの深い顔立ち。)

その後輩は、「口から産まれて来たのか？」と言われる程、にぎやかな男性だったが、彼女もそれに勝るとも劣らない程ににぎやかな女性だった(笑)。

、、、きっとあのお宅は毎日にぎやかな事だろう、、、。

ここも「宿泊券」を用意して待っていてくれる筈なのだが、体調不良の為にに行けなくなってしまい大変残念である。

遺伝研後輩A： 「Dr.スランプ」のアラレちゃんを彷彿とさせる様な可愛い女の子(でも性格は生意気)。

有名人に例えると、(メンテの行き届いていない)真野恵里菜さん(あるいは上白石萌歌さん)といった感じが、、、。

彼女は実験系だったので、コンピュータ解析系の私とは、普段はあまり接点がなかった。

(初めの頃のパーティ後のカラオケ中に)彼女には申し訳ない事をしたと心から反省している。

(「懺悔(ざんげ)(一般編)」に詳述。)

遺伝研後輩B： 仲間由紀恵さんをちょっと幼くした様な感じのナチュラルビューティー。

本当は(英語やIT等の)実力があるくせに、何かと周りに頼ろうとするのが(私的には)気に食わなかった。

「対極天」の押去馬代嬢のごとく男を煽り立て、振り回すタイプだったので、私は

(最初にちょっと手ほどきをしてあげた時以外は)できるだけ近寄らない様にしていた。

(残念ながら、コミュニケーション障害気味の私には、彼女の「師」になる資質はない。)

遺伝研後輩C： 元駐日米国大使、キャロライン＝ケネディーさんにちょっと雰囲気の似たかっこいい女性。

英語、IT、手芸工作、作詞作曲など、何でもこなす自立した才女。

彼女がひたむきに頑張っている姿をみていると思わずギョーンとして手助けしたくなったものだが、

、、、邪魔になるだけだと思ったのでただ外から見守るだけだった。(ほとんど「星飛雄馬のお姉ちゃん」状態(^^;))

(まあ、客観的に見ればどう見ても、彼女の方が私よりも「仕事が出来」た。)

遺伝研後輩Z： 、、、、その、能瀬慶子さんを彷彿とさせる様な、純粋な瞳が怖かった、、、。

雰囲気があの「めざにゅ〜」元祖MCの杉崎美香さんにちょっと似ていた様な、、、(褒めすぎかも知れんが、、、)。

でも、一番似ているのは恐らく「ウルトラマン(初代)」の「まぼろしの雪山」に出てきた「雪ん子」かな。

飲み会やディナーパーティ(?)の残りを私に「お供え」してくれた心優しい女性。

彼女の博士論文の際には微力ながらも全力をもって支援させてもらった。

私が引退後、彼女が論文を書きたいと言うので私も手伝う事になったのだが、、、非常に残念なこととなった。

(「懺悔(ざんげ)(研究関連)」参照)

、、、ちょっと申し訳ない事をした(でも、一番悪いのは彼女を利用した指導教官だと思う)。

、、、彼女の幸せを心より祈る。

プロジェクト秘書： 菊谷子さんや秋ひとみさん(もっと最近では生駒ちゃん(元乃木坂))あたりに雰囲気が似た、清楚系美人。

何を考えているのかわからんが、彼女が私と付き合いたいらしいと「三島の母」を通じて知らされたが、

私は当時、研究（および様々な業務）に日夜追われていて恋愛や婚活などとてもしてられる状態ではなかったから、「三島の母」を通じてやんわりと断った。

[
それに、もし仮に付き合ったとしても、私の本性を知ったら、すぐに別れたくなった筈である。

] プロジェクトの統括者の一人が彼女の事を好きだったという噂も聞いたような気がし、私がプロジェクトで惨々な扱いを受けたのは、実はこれも一因ではなかったのか？と疑っている。

[
しかしながら、天に誓って言うが、私は彼女には指一本触れたことはないのだ！！

] でも、それは（仮に彼のせいであつたとしても）彼女のせいではないので、彼女には好意は抱いてはいるものの恨み等は抱いてはいない。
、、、彼女にも、是非、幸せになって欲しいと思う。

補遺H：私が好きだったアイドル／女優／女子アナ／お天気キャスター達

さあ～、お待たせしました！

江澤と言えばアイドル、アイドルと言えば江澤、ツーと言えばカー、と、私のアイドル好きは、（人生前半での知り合いには）かなり有名な話である。（後半からの知り合いには、「寝耳に水」かも知れない（笑）。）

ここでは、私が好きだったアイドル達および（時々区別するのが難しい）女優達について語らせて頂く。（ただし、（例によって）好きなアイドル／女優達すべてを挙げると、（特に1971-1987辺りは）ほとんど「アイドル／女優名鑑」と変わらなくなってしまうので、特筆すべき方々に限る。）

また、（多分）21世紀に入ってから、（恐らく視聴番組の変化に伴い）女子アナやお天気キャスター達も気になる様になって来た。後半ではこれらの方々について語る。

< アイドル／女優 >

そもそも私が何故、アイドル好きになったかと言うと、それは我が家のテレビ視聴事情に関係すると思う。私には7歳年上の兄と5歳年上の姉がいて、2人ともアイドルが好きで、ゴールデンタイム付近では大抵、アイドルの出ている歌番組やエンタメ番組やドラマ等を視聴していた。（兄姉がいない昼間を除き）チャンネル決定権を持たない私は、ただ、兄と姉に従うしかなかったので、自然とアイドル好きになっていったのだと思う。

私の記憶にある限り、私が一番最初にトキめいたアイドルは、恐らく（私が4、5才の時の）麻丘めぐみさんである。（確か、何かの賞を受賞して、涙を流しながら歌っていたその姿がきれいだった。）

また、一番最初にトキめいた女優は、恐らく、「好き!すき!!魔女先生」（多分、昼頃やってた再放送）の「かぐや姫先生」役の菊容子さんである。（ガキ大将と相撲を取った後の胸をはだけさせた姿に子供心ながらドキッとし、またその綺麗な浴衣姿に目を奪われた。）

その後、様々なアイドルや女優を見て来た訳だが、「私が『恋した』女性達」でも触れた様に、「出会った女性の二人に一人には惚れてしまう」私が、（稀にある例外を除くと）彼女達を嫌いになることはまずなく、それが逆に、特定の「好きなアイドル（女優）」を一人だけ選び出すのを難しくした。

小学生になると、クラスメート達は、キャンディーズ、アグネス=チャン、山口百恵、等々、が「好きだ」と盛り上がっていたが、私は「好きなアイドルは誰か？」と聞かれると、上記の理由から答えに窮した。

それでも敢えて言うならば、よく見るドラマに主演しているアイドルは、より愛着を持てたと言えよう。例えば、「18オシリーズ（ライトコメディシリーズ）」の岡崎友紀さん、「赤いシリーズ」の山口百恵さん、「刑事犬カール」の木之内みどりさん、「コメットさん」の大場久美子さん、等である。

また、主演ではないが、有名ドラマのレギュラーだった、アイドル／女優にも目を引く方々がいた。例えば、「夕陽ヶ丘の総理大臣」の藤谷美和子さん、（注：当時何故か、斎藤とも子さんは見逃していた；今では彼女の方が好きかも。）「3年B組金八先生」の三原じゅん子さん、川上麻衣子さん、等である。

それ以外では、やっぱり「可愛い系」が好きだったと言えよう。例えば、「赤い風船」がヒットした浅田美代子さん、

「恋人試験」でブレイクした松本ちえこさん、
「好きよ、キャプテン」で有名な、（双子の）ザ・リリーズ、
「木綿のハンカチーフ」を始め数々のヒットを飛ばした太田裕美さん、
「くるみ割り人形」の石川ひとみさん、（「まちぶせ」の有名な、）
等である。

1980年は、山口百恵さんが引退し、松田聖子さんがデビューする、
アイドル界での「大転換」の年となり、その前後では見るアイドルも変わった様な気がする。

そして、あの、「アイドル豊作の年」と呼ばれる1982年にデビューしたアイドルの中で、
私が一番好きだったのが、

水野きみこさん
である。

彼女の可愛さに魅せられ、私には珍しく、本気でファンになりかけたのだが、
残念ながらあまり売れず、わずか数年で引退されてしまったのは遺憾でたまらなかった。
（今でも私は、（歴代アイドルの中でも）彼女が一番可愛かった、と思っている。）

薬師丸ひろ子さん、原田知世さん、渡辺典子さん、の「角川三人娘」は当然好きだったが、
特に、原田知世さんの持つちょっと不思議な雰囲気には魅せられた。

1984年にデビューした菊池桃子さんは、雰囲気がそれまでのアイドルとはちょっと違い、
おっとり穏やかな感じなのが良かった。
彼女と、その前年に「アイコ十六歳」で映画デビューした冨田靖子さんは、
「1968年代生まれの代表選手」として今でも応援している。

同じく1984年にデビューした岡田有希子さんも可愛らしくてけっこう好きだったが、
彼女が自殺されたと聞いた時は私もショックだった。（改めて、ご冥福をお祈りする。）

1985年にデビューした**本田美奈子**さんは、
（水野きみこさんの次に）私が一番好きだったアイドルである。
[彼女は2005年に白血病で他界された。心より、ご冥福をお祈りする。]
彼女の魅力といえば、その豊かな声量を生かした圧倒的な歌唱力、
「1986年のマリリン」から始まるセクシーなダンス、等、色々あるが、
私は純粋に彼女の綺麗な顔立ちに惹かれた。
（恐らく、彼女の顔立ちが、私の理想とする女性のルックスを考えた時に、その中心点に来るものなのだろう。）

[
そんなこともあり、
（これまでに数回あったが、）彼女に似た女性に遭遇すると、いつもドギマギしたものである。
特に印象に残っているのが、
私が7年間通った遺伝研の先生（PI）の一人が彼女に似て美人だったことである。
幸か不幸か、私は彼女とは違う研究グループだったので、
私が彼女と交流する機会はほぼ皆無だったが、
廊下などですれ違うだけでもドギマギしたものであった。
噂では、彼女は性格も良い人格者らしく、所内では男女を問わず人気がある様であった。
まさに、私に取っては「高値の花中の高値の花」であった。

] [
ちなみに、「本田美奈子さんと似ている」ことで有名（？）な
工藤夕貴さん（1984年デビュー）
も当然好きだったのであるが、
その事は当時の友人たちにはひた隠しにしていた。
と言うのも、彼女は当時13(?)才と非常に若く、彼女が好きなことがバレると
「○リ○ン」認定されてしまい、クラスのイジメに遭う危険を感じたからだ。
（後で、どうやらそれは杞憂だったらしいことに気づいた。、、、ほとんど厨二病（笑）。）
（もう一つの理由として、彼女の事務所の売り込み方が派手過ぎて引いてしまった、というもある。）
]

同じく1985年にデビューした佐野量子さんは、その可愛いルックスが私の理想に近く好きだった。
武豊さんと結婚されたと聞いた時はちょっとショックだった。

菊池桃子さんの妹分（？）の「桃組三人娘」は1986年に続々とデビューした様である。
杉浦幸さんは清纯さど影（エロさ？）を同居させた、いささか妖艶な雰囲気、当時の男たちを虜にした。
そう言う意味では、彼女が演じた「ヤヌスの鏡」の主人公は、まさにハマリ役だった、
といっても良いのではなからうか。
西村知美さんは、（少なくとも当時は）なかなかそうお目にかかれそうにない程の正統派美少女で、
（あくまで私見だが、）彼女がモモコクラブに初登場した時の写真は、あの、
橋本環奈さんの「奇跡の一枚」にも負けずとも劣らなかった、と私は思っている。
しかしながら、
三人の中で、私が最も好きだったのは島田奈美さんであった。
元気で可愛い妹の様な彼女のポスター（クレアラシル）は長い間私の部屋に貼ってあった。
（歌も彼女だけは（何度も引越した後の）今でもCDを持っている。学園（青春）ドラマみたいな結構良い歌が多い。）
彼女たちがその後、三者三様な人生を送られている様なのは興味深い。

しかし、この頃、アイドル界では大きな「地殻変動」が既に起こり始めていた。
1985年からの「おニャン子クラブ」の登場である。

個人的な見解を言わせて頂くと、（個々のメンバーはそれほど嫌いな訳ではなかったが、）
その売り込みの手法はあまり好きではなかった。

例えて言うならば、
普通のアイドルたちを主に一騎打ちで正々堂々と戦う日本武士とすると、
「おニャン子クラブ」には、集団戦術を駆使した（元寇の）モンゴル軍の様な印象を、
私は持っていたのだ。
「これはちょっとフェアじゃねえな」と私は個人的に思っていたので、
私のクラスや学校も含む世間では「おニャン子ブーム」がまき起こっていたが、
私は特に彼女たちをあからさまに応援する事はなかった。

[
しかしながら、一部のメンバーは結構好みだったので注目していた。
具体的には、
白石麻子さん（ポニーテールと笑顔が可愛かった）、
城之内早苗さん（歌声と「あじさい橋」が好きだった）、
渡辺満里奈さん（可愛いタヌキ顔が好きだった）、
である。

]
[
ちなみに、「おニャン子」の「後継者」とも見なせる AKBグループの頃になると、
私ももうどうでもよくなって来ていた。
既に、アイドルはグループが主要となり、
ソロ活動するアイドルは「絶滅危惧種」化し始めていたからだ。
（そしてそれに伴い、私のアイドルへの興味はどんどん薄れていった。）
]

この頃のドラマとしては、
ちょっと重いテーマおよび（主演者の）クサイ演技で特徴的な
大映ドラマシリーズが盛況で、
私も例えば
「スチュワーデス物語」の白石まるみさん、
「乳姉妹」の森恵さん、
「ポニーテールは振り向かない」の榎田路子さん、
等の可愛い重要脇役達に注目していた。
（ちなみにこれらのほとんどは再放送で見た。）

また、「スケバン刑事」をはじめ、「セーラー服反逆同盟」等の
制服バトル物も盛況だったが、実は私はあまり見ていなかった。
（「スケバン刑事」の主人公を：（無印）斉藤由貴さん；（II）南野陽子さん；
（III）浅香唯さん／大西結花さん／中村由真さん、がやることは噂で聞いていた。）
唯一、（後に再放送で一部だけだが）見たのは、

「花のあすか組」で、
あすか組のミコ（小沢なつきさん）やはるみ（石田ひかりさん）も良かったのだが、
私が一番好きだったのが、

風林火山の「風」役の**速水昌末（はやみまさみ）**さんであった。

[
（私の好みの典型からはちょっと外れるが）ポニーテールが似合う、目力の強い、端正な顔つきが好きだった。
私が最も好きな女優さん（アイドル）の一人であるが、早々と引退されたのは残念だった。
]

そのほか、当時、注目していた女優さんとしては、

私が高校生三年生の頃の昼ドラ、「愛の嵐」で主人公のひかるを演じた田中美佐子さん、
[
私は夏休みに見た。（最後まで見られず、後ろ髪を引かれる様な気持ちで二学期を迎えた。）
ちなみに、学校では、ひかるの少女期を演じた小川範子さん（当時の芸名：谷本重美）が人気だったと聞き、
「なんだ、みんな『○リ○ン』じゃん!」と思った。
（ちなみに、私は彼女が出ていた回は見逃していた。二十年後、DVDを買って観て見たら、確かに超可愛かった。）
]

それから、これも私が高校高校生三年生の頃に公開された、
松竹大船撮影所50周年記念映画、「キネマの天地」で主人公の田中小春を演じた**有森也実**さん、
[
彼女はちょっと面長気味だが、それを除けば私の理想をそのまま現実にした様な感じである。
当然、私が最も好きな女優さんの一人である。

私が阪大大学院にいた頃、友人に「好きなアイドル／女優は誰か？」と聞かれて、彼女だと答えると、
「お前はおぼこいのが好きなんだな」と言われた。
「おぼこい」って何だ？と思って調べて後で見たら、「子供っぽい」事を言う様である。
、、まあ、要するに私が「○リ○ン」であることを婉曲的に表現したのだろう。
（その通りなので何とも思わんが、、。）
どうやら、その友人はトレンディードラマの「東京ラブストーリー」を観てそう発言した様だが、
私は（下記で説明する様に）観てなかったもので、話が噛み合わないところもあったかも知れない。
]

それから、同じく私が高校生三年生の頃の朝ドラ「都の風」で主人公の姉役だった黒木瞳さん、
[
彼女はちょっと年上だが、結構好きだった。特に上記朝ドラの役は印象的だった。
]

等がいた。

1987年4月、阪大に入学してからも、一、二年の頃は、
クラブの合宿対策の為に、歌番組、エンタメ番組、ドラマ等を観ていたが、
その必要がなくなった大学三年（つまり1989年）から暫くの間
（多分遺伝研に移って一年後の2003年くらいまで）、
歌番組、エンタメ番組、ドラマ等はほとんど見なくなり、
世の中のトレンドがまったく分からない、「**浦島太郎状態**」が続いた。
この時期は、年末に帰省して「紅白歌合戦」を視聴しても（懐かしの歌をカバーしている時以外は）
何が何だか分からなかった。

[
大河ドラマも、1987年の「独眼竜政宗」を観たのを最後に、暫く観なくなり、
2001年の「北条時宗」を時々観た以外はこの時期は全く観なかった。
大河ドラマの視聴が一旦復活するのが、
2003年「武蔵 MUSASHI」、2004年「新撰組」、2005年「義経」
辺りであるが、その後、再び観なくなり（正確には観る時間的、精神的余裕もなくなり）、
米国から帰国した
2011年の「江～姫たちの戦国～」後半
から完全復活した。
]

と言う訳で、当然の事ながら、この時期（1989年 — 2003年辺り）は
アイドルや女優の動向もチェック出来ていない。

[

「国民的美少女コンテスト」とかも特にチェックしてたわけではないが、
「元祖」国民的美少女の後藤久美子さん、
第2回グランプリの細川直美さん、
あたりは私の好みだった。
]

そして、私が（2002年7月）遺伝研に移ってから暫くして、
帰宅時間がどんどん遅くなっていくにつれ、（だいたい、「夕食」を食べながら）見る番組も推移していく。

だいたい、
観られる時は真夜中前の「サラリーマンNEO」等、

真夜中くらいから始まるNHK教育の「高校講座〇〇」の再放送、

午前2～3時ごろから始まる
「恋する日曜日」や「ケータイ刑事」の再放送、
あるいはまれに映画のテレビ放映や「ケータイ少女 恋の課外授業」の再放送、
その他よく分からない不思議な番組、

そして午前4時ごろから始まる
日テレの「Oha!4 NEWS LIVE」（あるいはその少し前の「日テレニュース24」）、
フジの「めざにゅ〜」、

そして、ひどい時には、さらに遅れて、午前5時すぎから始まる
フジの「めざましテレビ」も観ることもあった。

そして、朝起きた後のニュース番組
（大体、NHKの「おはよう日本」か、フジの「めざましテレビ」）、
あるいは（少し遅れた時は）NHKの朝ドラ、
を観ながら朝食をとって出かける、
といった感じだった。

こういった事情があるので、好きなアイドル、女優もかなり偏ったラインナップとなっていく。

まず、「サラリーマンNEO」に出ていた、
奥田恵梨華さん、いとうあいこさん、金子さやかさん、堀内敬子さん、等々、

それから、「高校講座〇〇」に出ていた
目黒裕佳子（現：近衛はな）さん（理科総合A?）、中里真美さん（理科総合B）、山本薫さん（物理）、
遠藤紘美さん（数学I）、寺田ちひろさん（世界史）、等々、
[
特に、山本薫さん、遠藤紘美さんの素朴さが好きだった。
]

そして、「恋する日曜日」に出ていた、
岡本杏里さん（三姉妹）、
[
（私見だが）この頃の岡本杏里さんは史上最上級クラスに可愛かった。
]
山下リオさん（お引越し）、等々、

「恋する日曜日 エスパー編」に出ていた、
南沢奈央さん、等々、

「ケータイ刑事」に出ていた、銭形〇達。特に好きだったのが、
黒川芽以さん（泪）、
小出沙織さん（雷）、

「ケータイ少女 恋の課外授業」に出ていた、
竹中有希さん、

[
彼女も私が最も好きな女優さんの一人である。（でも、最近はあまり出演がない様なのが残念だ。）
]
等々、

また、映画の深夜放映では、
「夜のピクニック」に出ていた、
多部未華子さん、
高部あいさん、

[
彼女のこの映画での小悪魔的な役はなかなか良かった。（実生活でこんな女子に関わりたくはないが、、、。）
]
等々、

「リンダリンダリンダ」に出ていた、
前田亜季さん、
等々、

そして、（非定期的に観た）朝ドラでは、
「てるてる家族」（2003年後）の石原さとみさん、
「純情きらり」（2006年後）の宮崎あおいさん、
「どんど晴れ」（2007年前）の比嘉愛未さん、
「ちりとてちん」（2007年後）の貫地谷しほりさん、佐藤めぐみさん
等々、

に注目した。

他にも、おそらく深夜（再）放送してるのを時々見たと思われるドラマがいくつかある。例えば、

「オレンジデイス」（元々2004年放送）に出演した、
柴咲コウさん、
小西真奈美さん、
白石美帆さん、等々、

「花より男子」（元々2005年放送）に出演した、
井上真央さん、等々、

「ライフ〜壮絶ないじめと闘う少女の物語〜」（2007年放送、これはオリジナルを数回見たのかもしれない）
に出演した、
北乃きいさん、
福田沙紀さん、等々、

に目が止まった。

[
ちなみに、私が遺伝研に移ってすぐの頃は、食堂がなく、昼食はコンビニ等で買った弁当を食べていた。
そして多分その頃、私はしばしば昼食はアパートに帰って、
映画やドラマ等のDVDを視聴しながら食べていた。（この時に上述の「愛の嵐」のDVDも観た。）
そして、
その時に「出逢った」のが、かつて（1950年代後半～60年代前半）銀幕を飾った
日活の人気女優たちだった。特に、

「和製オードリー・ヘップバーン」と呼ばれた、芦川いづみさん、
この世のものとは思えない程キュートだった、浅丘ルリ子さん、
「リャンピン」と称された大きな瞳が魅力の、笹森礼子さん、
そして、今では誰もが知る国民的女優の、吉永小百合さん、

等に惹かれた。

]

こうしてみると、この頃注目していたのはほとんど女優さんで、あまりアイドルには注目していなかった。
それはひとえに、（時間的に）観ることの出来た番組の偏りのせいである。

そんな中でもアイドルで注目していたのは、ハロプロの

℃-ute（2005年結成）

[
実際には、私が米国にいたとき（2009.9-2011.6）に動画を見て初めて知った。
その統制のとれたダンスにも目を奪われたが、
特に、メンバーの一人、鈴木愛理さん（タレ目気味な笑顔が可愛い）に注目した。

]

と、

真野恵里菜さん（2008年ソロデビュー）

[
彼女には昭和アイドルの様な懐かしい香りがし、またソロ活動ということで、大変期待し応援していた。
（時代のせいなのか）アイドルとして売れなかったのは非常に遺憾に思うが、
女優として現在も活躍されている様なので、まあ、結果オーライといった所だろうか。今後も活躍されることを願う。

]

と、

道重さゆみさん（2003年モーニング娘に加入）

[
当時、ハロプロでも屈指の美少女として知られていたらしい。
実際には、私が米国にいたとき（2009.9-2011.6）に動画を見て初めて知った。

]

あたりであろうか。

そして、2009年9月から 2011年6月まで米国（ヒューストン）で研究していた私は、

その間は、日本のテレビは視聴しなかったものの、
時々、YouTubeなどで動画をチェックしていた。（上記ハロプロのアイドルも参照。）
特に、

NHKワンゼグ2「ドラマ8芸能社」に出ていた、
三人の美少女たち（鈴木かすみさん、剛力彩芽さん、荒井萌さん）

は、それぞれ可愛く魅力的だった。

2011年7月に帰国後は、
遺伝研時よりもずっとまじな生活になったが、
今度は朝早く（遅くとも7時前）にアパートを出て研究室に向かう様になったので、
朝ドラは非定期にしか見れなくなり、
夕方、帰ってから観るテレビもほとんどニュース（「NHK ニュース9」等）が中心となった。
こうして、注目は、必然的に女子アナやお天気キャスターにシフトしていくことになる。（次項目参照）

それでも、（「あまちゃん」以降の）朝ドラは、日曜の早朝にやる「5分で〇〇」等を見てチェックし、
また、NHK 大河ドラマの視聴は、
2011年の「江～姫たちの戦国～」の後半からほぼ完全に復活したので、
これらのドラマ、そして時々観るバラエティー系の番組などに出演するアイドルや女優はチェック出来た。

朝ドラでは、

「純と愛」に出演した、岡本玲さん、等々、
「あまちゃん」に出演した、能年玲奈さん（現のん）、橋本愛さん、有村架純さん、松岡茉優さん、等々、
[
「あまちゃん」は（八木さんや美穂さんも含め）注目すべき美（少）女満載だったが、
代表的な方々に限らせて頂いた。
私のイチオシは松岡茉優さんかな。深谷ネギをモチーフにした彼女のコスチュームはツボにはまった（笑）。

]

「ごちそうさん」に出演した、高畑充希さん、キムラ緑子さん、等々、

[

キムラ緑子さんの、幅広い役を演じられるその実力に圧倒される。
「半分、青い」でのスッテンコロリンの演技が大変印象に残っている。（吉本新喜劇かいな？と思った（笑））
]
「べっぴんさん」に出演した、蓮佛美沙子さん、土村芳さん、井頭愛海さん、等々、
[
井頭愛海さんは今後が楽しみな超美少女。
]
「ひよっこ」に出演した、伊藤沙莉さん、等々、
「わるてんか」に出演した、葵わかなさん、徳永えりさん、広瀬アリスさん、等々、
[
葵わかなさんは、丸顔に尖ったアゴ、、、と、まさに私の理想を絵に描いたようなお方でした。
]
「半分、青い」に出演した、永野芽郁さん、奈緒さん、等々、
「まんぷく」に出演した、深川麻衣さん、等々、
「なつぞら」に出演した、広瀬すずさん、福地桃子さん、伊原六花さん、等々、
[
広瀬アリス、すず姉妹は（たまたま見た）他のドラマ等でもよく見かけたのだが、
それを書き出すと収拾つかなくなってしまうので、朝ドラ出演に限らせて頂いた。
]

大河ドラマでは、
「江～姫たちの戦国～」に出演した、上野樹里さん、ミムラさん、忽那汐里さん、等々、
「平清盛」に出演した、成海璃子さん、等々、
「八重の桜」に出演した、水原希子さん、等々、
「軍師官兵衛」に出演した、桐谷美玲さん、笛木優子さん、二階堂ふみさん、等々、
「花燃ゆ」に出演した、黒島結菜さん、等々、
「真田丸」に出演した、黒木華さん、竹内結子さん、岸井ゆきのさん、等々、
[
「軍師官兵衛」で二階堂ふみさんが演じた茶々も悪女然として迫力があり非常に良かったのだが、
「真田丸」で竹内結子さんが180度違った角度から演じた茶々はこれまでにない斬新なものだった。
竹内さんの安らかなるご冥福をお祈りする。
]
「おんな城主 直虎」に出演した、高橋ひかるさん、等々、
「西郷どん」に出演した、高梨臨さん、等々、
「いだてん～東京オリムピック噺～」に出演した、杉咲花さん、川島海荷さん、等々、

が特に私の目に止まった。（注：かなり厳選して、また、重複のない様に、絞り込んでいる。）

そのほかのドラマでは、例えば、

「金魚倶楽部」（帰国後すぐ、土曜の夜中前にやっていた）に出ていた、
刈谷友衣子さん、
[
彼女も私のモ口好みの美少女だった。（残念ながら、今休業中の模様。復活を待ち望む。）
]

「美女と男子」に出ていた、
吉岡里帆さん、
[
（私見では）彼女は「放っておけない可愛い子ちゃん」タイプで、まさに私の好みだった。
]

「歴史秘話ヒストリア」に何度か出ていた、
鎮西寿々歌さん、
[
彼女も要注目の美少女です。（ちょっと道重さゆみさんに似てなくもないが、、、。）
（あくまでも私見だが、）彼女は笑顔でなく、ちょっと斜め横からのショットが一番魅力的な気がする。
]

「特撮ガガガ」に出ていた、
小芝風花さん、

[
彼女はどちらかというと割と目鼻立ちのはっきりした美人系な顔立ちなのだが、
何故か可愛い子ちゃん系の雰囲気を持ち併せており（タレ目気味のせいかな？）、
私もつつい惹きつけられてしまった。
]

等に心惹かれた。

また、この時期は、（特にNHKでやってる）コント番組等もよく観た。例えば、

「祝女」に出ていた、
臼田あさ美さん、
木村文乃さん、

[
彼女も私の好みをそのまま現実にしたような感じの女性で、私が最も好きな女優さんの一人である。
]
等々、

「LIFE! ～人生に捧げるコント～」に出ていた、
石橋杏奈さん、等々、

等が好きだった。

この頃は、バラエティー番組などに
AKBグループや「坂道シリーズ」の（例えば「神7」等の）主要メンバー達がしばしば出演する様になり、
彼女らの顔と名前は自然と一致する様になっていった。
ここで、いちいちすべて列挙することはしないが、私が特に気になった（元）メンバーは、

「塩対応」で有名な世界的美人、島崎遥香さん（元AKB）、
何かと騒ぎを起こした、峯岸みなみさん（元(?)AKB）、
[
ちなみに、私は騒ぎが起こる以前から、その高いアドリブ力&ギャグ力で、彼女のことは注目していた；
「彼女は、他のメンバーとは一味違う」と。（要するに頭の回転が早いんだろな。）
卒業後も活躍されることを祈る。
]
愛くるしい妹の様だった、朝長美桜さん（元HKT、元AKB）、
やばい位キュートな、西野七瀬さん（元乃木坂）、

等である。

飯塚（福岡）にいた頃（2013年4月 — 2016年9月の辺り）は、
フジの「めざましテレビ」の「イマドキ」を観ることがよくあり、
そのリポーター達も可愛かった。特に、

古畑星夏さん、
飯豊まりえさん、
[
彼女の小悪魔っぽい、あざとっぽい笑顔には人並みならぬ魅力を感じた。
]
武田玲奈さん、
藤田ニコルさん、
[
私は、基本的に、
西洋人、あるいはそのハーフは（ちょっとシャープな感じがする為）少し苦手なのだが、
彼女やトリンドル玲奈さんの様にちょっと「〇リ」がかった女性は別である。
]
松本絵里花さん、
久間田琳加さん、

等に目が止まった。

< 女子アナ／お天気キャスター >

上でも述べた様に、アイドル／女優から女子アナ／お天気キャスターへの注目のシフトは、私の生活様式の変化およびそれに伴う視聴番組の変化により必然的に起こった。

2002年7月に遺伝研に移る前には、それほど女子アナ／お天気キャスターには注目してなかった。遺伝研に移ってから、（時間的な縛りのため）ニュース番組等を視聴する機会が増えた結果、自然に注目する様になっていったものと思われる。

私の生活パターン上、よく視聴したのが、NHKの「おはよう日本」「NHK ニュース 7」「NHK ニュース (ウォッチ) 9」、フジの「めざにゅ〜」「めざましテレビ」「アナパン」（女子アナを題材にしたバラエティー）、日テレの「日テレNEWS 2 4」「Oha!4」、

等であり、その他の局の番組も時々視聴した。

その結果、特に心惹かれた女子アナは、（順番は概ね私が初めて見た順）

NHKでは、

山本美希アナ、
守本奈実アナ、

[

「カピ子」の愛称を持つ、NHKの元祖(?)小動物系癒し系女子アナ。
私は、「探検ロマン世界遺産、スペシャル版ベネチア」（2006.1.6）以来のファンです。

]

橋本奈穂子アナ、
鈴木奈穂子アナ、
井上あさひアナ、
池田伸子アナ、
渡邊佐和子アナ、
寺門亜衣子アナ、
合原明子アナ、
片山千恵子アナ、
中村慶子アナ、
雨宮萌果アナ、

[

私が福岡にいた頃一番よくお目にかかった女子アナ。
楽しくて好きだったが、ショートヘアになって、美女である事が発覚した！

]

和久田麻由子アナ、
桑子真帆アナ、
近江友里恵アナ、

[

彼女のおっとり癒し系の雰囲気疲れなくて良い。
福岡局にいた頃から見ているので非常に愛着がある。

]

保里小百合アナ、

[

とっても愛くるしい、NHKの「小動物系クィーン」！（済みません、勝手に命名しました。）
彼女も福岡局にいた頃から見ているので非常に愛着がある。

]

千葉美乃梨アナ、
林田理沙アナ、
石橋亜紗アナ、

[

清楚系の女子アナ。

彼女が笑った時の口元が、（国民的美少女の）高橋ひかるさんにちょっと似ている。

]

橋詰彩季（さき）アナ、

[

実は、私が今、最も注目している若手（中堅？）の美人女子アナ

（2015年入局（山形）、2018年名古屋局へ異動）。

水野きみ子さんに似て可愛い!!

2016年2月13日(?)の「着信御礼！ケータイ大喜利」では、

バットをぶん回してスタジオのセットを破壊してしまうという「大物」ぶりを発揮した（笑）。

今後も活躍を期待している。

]

宮澤結花（ゆうか）さん、

[

非常に愛くるしい小動物系女子。

彼女は NHK の契約キャスターで、「ひるまえほっと」という番組に出ている。

]

八木菜月さん、

[

彼女も「ひるまえほっと」に出ているNHK の契約キャスター。

この番組は、清楚系美人がゴロゴロ出てくるのだが、

私が彼女に特に惹かれたのは、、、、ちょっと下膨れ気味だからだろうか、、、、？

]

等々、

フジでは、

杉崎美香さん（セント・フォース、「めざにゅ〜」の初代メインキャスター）、

遠藤玲子アナ、

松尾翠アナ、

岩崎千明さん（セント・フォース）、

高島彩アナ、

加藤綾子アナ、

椿原慶子アナ、

高見侑里さん（セント・フォース）、

三田友梨佳アナ、

[

良家のお嬢さんの筈なのに、ギャグに体当たりで挑むところが好感が持てる。

ザリガニに鼻を挟まれたエピソードはもはや伝説的。

また、高見侑里さんや石本沙織アナとやった「べっぴん漬け」のコント(?)は最高だった。

]

竹内友佳アナ、

[

フジ随一の小動物系○リ系女子アナ！だったが、最近はかなり色っぽくなった（のがちょっと残念）。

フジの中では間違いなく私が一番好きな女子アナである。

]

宮澤智アナ、

[

元アイドルだけあって可愛い。

「GO! GO! チャギントン」での彼女の可愛い踊りがいまだに脳裏から離れない。

]

内田嶺衣奈アナ、

[

（飯豊まりえさん同様、）彼女のあざとっぽい笑顔に何故か惹かれてしまう。

]

久代萌美アナ、

宮司愛海アナ、

鈴木唯アナ、

等々、

日テレでは、

中田有紀さん（セント・フォース、「Oha!4」の顔）、
加藤亜希子さん（「日テレNEWS 24」キャスター）、
中島静佳さん（セント・フォース、「日テレNEWS 24」キャスター）、

[
めっちゃめっちゃ可愛い女子アナ。
私の知る女子アナ史上で一番好きだった女子アナである。

]
宮崎宣子アナ、
上田まりえアナ、
坂本萌子さん（ニチエンプロダクション、一時「Oha!4」のメインキャスター担当）、
等々、

その他では、

相内優香アナ（テレ東）、

田中みな実アナ（元TBS）、
古谷有美（ゆうみ）アナ（TBS）、
宇垣美里アナ（元TBS）、

弘中綾香アナ（テレ朝）、
[
彼女は昔大好きだった女の子に雰囲気似ているので、つい目が釘付けになってしまう。
]

須黒清華（さやか）アナ（テレ東）、

江藤愛アナ（TBS）、
日比麻音子（まおこ）アナ（TBS）、

等々がいた。

また、お天気キャスターは、

NHKでは、

加藤祐子さん、
渡辺蘭さん、
関口奈美さん、
岡村真美子さん、

[
我ら「○リ○ン」男子達の為に舞い降りてきた天使。
私が一番好きなお天気キャスターの一人であった。
残念な降板の仕方をされてしまい、まことに遺憾であった。
（でも、私は彼女を責めない；むしろ、彼女を責める男性たちは身勝手だと、私は思う。）
]

福岡良子さん、
平野有海さん、
等々、

フジでは、

長野美郷さん（セント・フォース、「めざましテレビ」お天気担当（2009.3-2014.3））、
等々、

日テレでは、

松岡洋子さん、（元セント・フォース、「Oha!4」お天気担当）

[
げっ歯類系（特にビーバーかな）の顔立ちをした非常に可愛い女性。
私が一番好きなお天気キャスターの一人であった。
2008年4月に結婚相手の仕事の都合でヨーロッパへ移住の為、活動を休止されたのは残念だった。
]
等々

その他では、

玉木碧（あおい）さん（セント・フォース、「情報 7 days ニュースキャスター」（2012.7-2014.3））、
等々がいた。

＜> ちなみに、米国（ヒューストン）に居た、2009年9月から2011年6月の間は、
（英語の訓練の良いチャンスと思って）向こうのテレビ番組を視聴していた。
そこでも、ニュース（CNN News）や天気予報（The Weather Channel）等を観る機会が多かったので、
何人か気になったニュースキャスター（レポーター？）や天気予報士がいた。

[
例えば、
CNN News の Brianna Keilar さん、
や
The Weather Channel の Jen Carfagno さん
等々。
]
、、、のだが、今、改めて見てみると、それほどでもなく思えてきたので、
これ以上の詳述は差し控えておく。

補遺Ⅰ：論文リスト

ここには、主に私が生涯、peer-review 付き国際的学術雑誌に発表した論文をリストする。
最後の方の4本に関しては、時間が足りず、学術雑誌に投稿できなかったが、
私の研究人生における「重要な業績」であると私自身は捉えている為、リストさせて頂く。

注1. 私は、基本的に、学会発表や国内雑誌に掲載された論文（記事？）などは、
（通常、まとまったら、それらは論文にまとめて（国際的）学術雑誌に投稿する筈であるから）
「業績」とは捉えてないので、ここでは割愛させて頂く。
（実際に、数もそれ程多くはない（恐らく全部で20個以下）。）

注2. 論文の順は、学術雑誌に発表された順ではなく、
各研究の始まった（もしくは終わった）順とさせて頂く。

< 大阪大学大学院理学研究科時代 >

[2+1 次元 Einstein 重力 (Chern-Simon 重力) 理論の非摂動論的量子化]

1. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Oct). "TRANSITION AMPLITUDE IN (2+1)-DIMENSIONAL CHERN-SIMONS GRAVITY ON A TORUS." Int J Mod Phys A. 09(27):4727-4745. (DOI: [10.1142/s0217751x94001898](https://doi.org/10.1142/s0217751x94001898))
2. Kiyoshi Ezawa. 1994 (May). "Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions." Phys Rev D. 49(10):5211-5226. (DOI: [10.1103/physrevd.49.5211](https://doi.org/10.1103/physrevd.49.5211))
3. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Aug). "Addendum to 'Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions'." Phys Rev D. 50(4):2935-2938. (DOI: [10.1103/physrevd.50.2935](https://doi.org/10.1103/physrevd.50.2935))
4. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Feb). "Chern-Simons quantization of (2+1)-anti-de Sitter gravity on a torus." Class Quantum Grav. 12(2): 373-391. (DOI: [10.1088/0264-9381/12/2/007](https://doi.org/10.1088/0264-9381/12/2/007))
5. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Nov). " 'MODULI SPACE' OF ASYMPTOTICALLY ANTI-DE-SITTER SPACE-TIMES IN 2+1 DIMENSIONS." Int J Mod Phys. A. 10(29):4139-4160. (DOI: [10.1142/s0217751x95001911](https://doi.org/10.1142/s0217751x95001911))
6. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Jan). "Combinatorial solutions to the Hamiltonian constraint in (2+1)-dimensional Ashtekar gravity." Nuclear Physics B. 459(1-2):355-390. (DOI: [10.1016/0550-3213\(95\)00557-9](https://doi.org/10.1016/0550-3213(95)00557-9))
7. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Feb). "MULTI-PLAQUETTE SOLUTIONS FOR DISCRETIZED ASHTEKAR GRAVITY." Mod Phys Lett A. 11(05):349-356. (DOI: [10.1142/s0217732396000394](https://doi.org/10.1142/s0217732396000394))

[3+1 次元 Einstein 重力理論 (Ashtekar 形式) の非摂動論的量子化]

8. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Semiclassical interpretation of the topological solutions for canonical quantum gravity." Phys Rev D. 53(10):5651-5663. (DOI: [10.1103/physrevd.53.5651](https://doi.org/10.1103/physrevd.53.5651))
9. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Ashtekar's Formulation for $N = 1, 2$ Supergravities as 'Constrained' BF Theories." Progress of Theoretical Physics. 95(5):863-882. (DOI: [10.1143/PTP.95.863](https://doi.org/10.1143/PTP.95.863))
10. (総説) Kiyoshi Ezawa. 1997 (Jul). "Nonperturbative solutions for canonical quantum gravity: An overview." Physics Reports. 286(5):271-348. (DOI: [10.1016/S0370-1573\(96\)00051-8](https://doi.org/10.1016/S0370-1573(96)00051-8))

< 基礎物理学研究所（基研）時代 >

[超弦理論関連 (2 次元超重力理論の量子化)]

11. Kiyoshi Ezawa, Atsushi Ishikawa. 1997 (Aug). "Osp(1|2) Chern-Simons gauge theory as 2D $N = 1$ induced supergravity." Phys Rev D. 56(4):2362-2368. (DOI: [10.1103/physrevd.56.2362](https://doi.org/10.1103/physrevd.56.2362))

[超弦理論関連 (M-理論の行列正則化)]

12. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Aug). "Lorentz Symmetry of Supermembrane in Light Cone Gauge Formulation." Progress of Theoretical Physics. 98(2):485-505. (DOI: [10.1143/PTP.98.485](https://doi.org/10.1143/PTP.98.485))
13. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Oct). "BPS configuration of supermembrane with winding in M-direction." Physics Letters B. 412(1-2):47-52. (DOI: [10.1016/s0370-2693\(97\)01043-5](https://doi.org/10.1016/s0370-2693(97)01043-5))

14. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Apr). "Matrix regularization of an open supermembrane: Towards M-theory five-branes via open supermembranes." Phys Rev. D. 57(8):5118-5133. (DOI: [10.1103/physrevd.57.5118](https://doi.org/10.1103/physrevd.57.5118))

15. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Oct). "Matrix model for Dirichlet open string." Physics Letters B. 439(1-2):29-36. (DOI: [10.1016/s0370-2693\(98\)01017-x](https://doi.org/10.1016/s0370-2693(98)01017-x))

< 名古屋大学大学院理学研究科物理学教室時代 >

[光合成における励起移動機構]

この研究に関しては、その結果に絡んで指導教官との間に相克が生じた為、学術雑誌に投稿すべく論文は執筆しなかった。

(物理学会で発表はしたが、おそらく詳細な記録は残ってないだろう。)

その為、私の修士論文が唯一の研究記録として残っている

、、、筈だったが、どうやら修士論文は所蔵されてないらしい。

(ネット上で検索しても引っかからない、、、誰かが「葬り去った」か?、、、)

< 国立遺伝学研究所時代 >

[他研究室の"手伝い"]

16. Kuniya Abe, Hideki Noguchi, Keiko Tagawa, Misako Yuzuriha, Atsushi Toyoda, Toshio Kojima, Kiyoshi Ezawa, Naruya Saitou, Masahiro Hattori, Yoshiyuki Sakaki, Kazuo Moriwaki, Toshihiko Shiroishi. 2004. "Contribution of Asian mouse subspecies *Mus musculus molossinus* to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence SNP analysis." Genome Research. 14:2439-2447. (DOI: [10.1101/gr.2899304](https://doi.org/10.1101/gr.2899304))

18. Masaru Tamura, Shigekazu Tanaka, Tomoaki Fujii, Aya Aoki, Hiromitsu Komiyama, Kiyoshi Ezawa, Kenta Sumiyama, Tomoko Sagai, Toshihiko Shiroishi, 2007 (May). "Members of a novel gene family, *Gsdm*, are expressed exclusively in the epithelium of the skin and gastrointestinal tract in a highly tissue-specific manner." Genomics. 89(5):618-629. (DOI: [10.1016/j.ygeno.2007.01.003](https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2007.01.003))

[重複遺伝子の分子進化機構]

17. Kiyoshi Ezawa, Satoshi Oota, Naruya Saitou, 2006 (May). "Genome-Wide Search of Gene Conversions in Duplicated Genes of Mouse and Rat." Molecular Biology and Evolution. 23(5):927-940. (DOI: [10.1093/molbev/msj093](https://doi.org/10.1093/molbev/msj093))

19. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikee, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2010 (Sep). "Evolutionary Pattern of Gene Homogenization between Primate-Specific Paralogs after Human and Macaque Speciation Using the 4-2-4 Method." Molecular Biology and Evolution. 27(9):2152-2171. (DOI: [10.1093/molbev/msq109](https://doi.org/10.1093/molbev/msq109))

20. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikee, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2011 (Aug). "Evolutionary Patterns of Recently Emerged Animal Duplogs." Genome Biology and Evolution. 3:1119-1135. (DOI: [10.1093/gbe/evr074](https://doi.org/10.1093/gbe/evr074))

< University of Houston (UH) 時代 (> 横須賀での「宿題」)>

[ゲノム構造変異 (genome structural variations, SVs) の集団遺伝学的解析手法]

21. Kiyoshi Ezawa, Giddy Landan, Dan Graur. 2013. "Detecting negative selection on recurrent mutations using gene genealogy." BMC Genetics. 14(1):37. (DOI: [10.1186/1471-2156-14-37](https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-37))

< 総研大葉山時代 >

[新しい集団遺伝学的手法]

22. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Aug). "Theoretical framework of population genetics with somatic mutations taken into account: application to copy number variations in humans." Heredity. 111:364-374. (DOI: [10.1038/hdy.2013.59](https://doi.org/10.1038/hdy.2013.59))

23. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Jul). "Competition Between the Sperm of a Single Male Can Increase the Evolutionary Rate

of Haploid Expressed Genes.” *Genetics*. 194(3):709-719. (DOI: [10.1534/genetics.113.152066](https://doi.org/10.1534/genetics.113.152066))

< UH 時代の「宿題」 & 九州工業大学時代 & 秩父時代 >

[多数配列並べ (multiple sequence alignment, MSA) における誤りの修正に関して]

24. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). “General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: are alignment probabilities factorable?” *BMC Bioinformatics*. 17:304. (DOI: [10.1186/s12859-016-1105-7](https://doi.org/10.1186/s12859-016-1105-7))

25. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). “General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: local alignment probability computation.” *BMC Bioinformatics*. 17:397. (DOI: [10.1186/s12859-016-1167-6](https://doi.org/10.1186/s12859-016-1167-6))

26. Kiyoshi Ezawa, Dan Graur, Giddy Landan. 2015 (Aug). “Perturbative formulation of general continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions, Part IV: Incorporation of substitutions and other mutations.” unpublished (available at bioRxiv). (DOI: [10.1101/023622](https://doi.org/10.1101/023622))

27. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Mar). “Characterization of multiple sequence alignment errors using complete-likelihood score and position-shift map.” *BMC Bioinformatics*. 17:133 (DOI: [10.1186/s12859-016-0945-5](https://doi.org/10.1186/s12859-016-0945-5))

[より正確かつ「正直」な（統計的）多数配列並べ (MSA) の手法の開発に向けて]

28. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). “New perturbation method to compute probabilities of mutually adjoining insertion-type and deletion-type gaps in ancestor-descendant pairwise sequence alignment under genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions: the ‘last piece of the puzzle’.” unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

29. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). “Alingment Neighborhood EXplorer (ANEX): First attempt to apply genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions to Multiple Sequence Alignment reconstruction problem.” unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00006.anex.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00006.anex.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

30. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). “Substitutional Residue-Difference Map (SRD Map) to help locate mis-alignments in Multiple Sequence Alignment (MSA): toward Artificial-Intelligence-assisted probability distribution of alternative MSAs.” unpublished; preprint ([KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf](https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf)) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

補遺J：論文の手短な説明

ここでは、「論文リスト」にリストされた論文、およびその背景などを簡潔に記述する。

[注：ここで私は単に（私の知る）真実について肅粛と冷静かつ客観的に記述しているだけであり、決して自慢したりホラを吹いたりしている訳ではないことを、申し添えておく。]

< 大阪大学大学院理学研究科時代 >

(導入)

私が大阪大学大学院理学研究科物理学科で所属した研究室の長、吉川圭二博士は世界で初めて 弦 (string) 場の量子論の構築に成功した大家である。それとも多少関連して、私の大学院での研究テーマは「量子重力理論」となった。昔から、Einstein の重力場の古典論（＝いわゆる「一般相対性理論」）は、摂動論的に量子化しようとしても繰り込み不能でうまくできないことは知られていた。そうすると、残された可能性は大きく2つ考えられる：

（１）Einstein重力場理論は、実は何か「別の理論」の低エネルギー極限での「有効理論」とであるとみなし、その「別の理論」は何かを探る試み（超弦理論の研究などはこの範疇に含まれる）；そして

（２）素粒子の標準理論でうまくいった摂動論の手法はそもそも重力の量子化には馴染まないとし、何らかの「非摂動論的手法」でEinstein重力場理論を量子化しようとする試み（重力の離散的量子化などはこの範疇に含まれる）。

私は主に（２）の方法を探る様に期待されていたが、修士課程前半で紆余曲折を経た末、当時新たに登場してある程度注目を集めていた、Einstein重力場理論を多項式の数式で表現できる新しい（複素）変数（場）を用いた形式（Ashtekar形式）を用いた非摂動論的量子化に関して研究することとなった。

なお、（私の印象では）我が師、吉川博士は、数学的厳密さよりも物理的直感を大事にするタイプの研究者であり、彼に師事する間に、

「（数学で一筋縄にいかない）『怪しげな』ところにこそ物理がある。」

「（いきなり数学的に難しい所から始めずに）
まずは簡単な（直感的に分かり易い）モデル（例）を使って感じをつかめ。」

などの教訓を頂いた。
これら教訓は、その後の私の素粒子論の研究スタイルだけに留まらず、
研究人生全般に関して強い影響を与えることとなった。

[2+1 次元 Einstein 重力 (Chern-Simon 重力) 理論の非摂動論的量子化]

1. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Oct). "TRANSITION AMPLITUDE IN (2+1)-DIMENSIONAL CHERN-SIMONS GRAVITY ON A TORUS." Int J Mod Phys A. 09(27):4727-4745. (DOI: [10.1142/s0217751x94001898](https://doi.org/10.1142/s0217751x94001898))
2. Kiyoshi Ezawa. 1994 (May). "Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions." Phys Rev D. 49(10):5211-5226. (DOI: [10.1103/physrevd.49.5211](https://doi.org/10.1103/physrevd.49.5211))
3. Kiyoshi Ezawa. 1994 (Aug). "Addendum to 'Classical and quantum evolutions of the de Sitter and the anti-de Sitter universes in 2+1 dimensions'." Phys Rev D. 50(4):2935-2938. (DOI: [10.1103/physrevd.50.2935](https://doi.org/10.1103/physrevd.50.2935))
4. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Feb). "Chern-Simons quantization of (2+1)-anti-de Sitter gravity on a torus." Class Quantum Grav. 12(2): 373-391. (DOI: [10.1088/0264-9381/12/2/007](https://doi.org/10.1088/0264-9381/12/2/007))
5. Kiyoshi Ezawa. 1995 (Nov). " 'MODULI SPACE' OF ASYMPTOTICALLY ANTI-DE-SITTER SPACE-TIMES IN 2+1 DIMENSIONS." Int J Mod Phys. A. 10(29):4139-4160. (DOI: [10.1142/s0217751x95001911](https://doi.org/10.1142/s0217751x95001911))
6. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Jan). "Combinatorial solutions to the Hamiltonian constraint in (2+1)-dimensional Ashtekar gravity." Nuclear Physics B. 459(1-2):355-390. (DOI: [10.1016/0550-3213\(95\)00557-9](https://doi.org/10.1016/0550-3213(95)00557-9))
7. Kiyoshi Ezawa. 1996 (Feb). "MULTI-PLAQUETTE SOLUTIONS FOR DISCRETIZED ASHTEKAR GRAVITY." Mod Phys Lett A. 11(05):349-356. (DOI: [10.1142/s0217732396000394](https://doi.org/10.1142/s0217732396000394))

(解説)

2+1 次元 Einstein 重力は、3+1 次元 Einstein 重力の「おもちゃ」(toy model) として知られる。

その理由は、Einstein 重力は、
3+1 次元では（重力波に相当する）2つの局所的自由度
（空間計量 $6 (= 3 \times (3+1)/2)$ 個 —（マイナス）一般座標変換の自由度 4 個）を持つが、
2+1 次元では局所的自由度がゼロ
（空間計量 $3 (= 2 \times (2+1)/2)$ 個 —（マイナス）一般座標変換の自由度 3 個）になるからである。
ぶっちゃけてしまえば、
2+1 次元 Einstein 重力は「重力波のない重力理論」となるわけだが、
（例えば）宇宙全体の「形」を決める様な「大局的自由度」はまだ残っており、
それを量子化すると「中身（重力波）のない『入れ物』の振る舞いの量子論」を論じることとはできることとなり、
そこでの知見は3+1 次元でもひょっとしたら役に立つのでは？と期待できるわけである。

という訳で、私はまず、Ashtekar 形式の2+1 次元版にあたるChern-Simons 場の理論の、
最も簡単な空間のトポロジーがトーラス（ドーナツの表面の様なもの）の場合の、
量子論から始めることとなった。

1、では既に先行研究のあった宇宙定数ゼロの場合に、
Chern-Simons場の理論と伝統的な空間計量を用いた方法との関係、および、
理論に登場する大局的変数の幾何学的意味（2 + 1 次元 Minkowski 空間への埋め込み）などを明らかにした。

2、では、**1、**の研究を更に宇宙定数が正の場合（3+1 次元 de Sitter 空間に埋め込める）
と負の場合（2+2 次元 反de Sitter 空間に埋め込める）に拡張することに成功した。

3、は、ある意味、**2、**の宇宙定数が正の場合の補足であり、量子化した際の変数空間のトポロジーについて
もっときちんと論じた。

4、は、ある意味、**2、**の宇宙定数が負の場合の補足&発展であり、**2、**で見逃していたパラメータ領域を網羅し、
また、新たに「幾何学的量子化 (geometric quantization)」の手法を取り入れて、
（量子状態の内積を規定する積分測度も含めて）量子論をもっと厳密に扱った。

5、では、空間がトーラスである場合を離れ、空間が「開いた」（すなわち無限に広がる）場合、
とりわけ、時空が漸近的に反de Sitter 空間になる条件を満たした場合、
について（**4、**で開発した手法を拡張して）解析した。
この**5、**がこの（1、から5、までの）一連の研究の中では最も（数学的に）発展した研究と言って良く、
（私のプロモーションが下手なせいか引用数こそ少ないが）
私はこれを私の（素粒子論時代の）代表的な論文の一つと見なしている。

6、では、更に、Chern-Simons場の理論も離れ、
「2+1 次元 Ashtekar 形式」そのもの（非縮退な計量の時は Chern-Simons 場の理論と同等）の量子論に
取り組んだ。
この場合は、方程式の形が 3+1 次元 Ashtekar 形式とそっくりであり、
したがって、ここで得られた知見は 3+1 次元 Ashtekar 形式でもそのまま（あるいは少しの変更・拡張だけで）
使える可能性すらある。
それまで、3+1 次元 Ashtekar 形式において、Wilson loop（ゲージ場（=Ashtekar変数の片割れ）の指数関数を
ループに沿って線積分したようなもので、ループが閉じている場合、ゲージ不変であることが示せる）
を使った簡単な解が幾つか知られていたが、
私は spin network（スピノール (spinor) 表現の Wilson loop 複数個の「束」の様なもの）を用いることにより、
その簡単な解を systematic な形で無限に拡張できることを示した。
（なお、上記の期待通り、この結果は、3+1 次元に拡張可能である。）
この研究も、私の他の研究と比べるとかなり突出している（特異である）という意味で、
（やはり私のプロモーションが下手なせいか引用数こそ少ないが）
私の（素粒子論時代の）代表的な論文の一つと私は見なしている。

7、は、重力の離散量子化とAshtekar 形式による非摂動論的量子化の「あいのこ」の様なもので、
正方形（立方体？）格子の上で、Ashtekar 形式の方程式をとある正則化すると、
一つの単位正方形に沿ったWilson loopのある関数とその正則化方程式の解になっている
ことを示した論文である。
自分でも自覚しているのだが、この研究は少しテクニカル過ぎるくらいはある。
（残念ながら、他の正則化でもこの解（あるいはその類似物）が解になっていること、
あるいは、（他を差し置いて）この正則化が特に選ばれるべき理由等については論じていない。
これらを示せていたら、もう少し論文の価値が上がっていたであろう。）

[3+1 次元 Einstein 重力理論 (Ashtekar 形式) の非摂動論的量子化]

8. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Semiclassical interpretation of the topological solutions for canonical quantum gravity." Phys Rev D. 53(10):5651-5663. (DOI: [10.1103/physrevd.53.5651](https://doi.org/10.1103/physrevd.53.5651))

9. Kiyoshi Ezawa. 1996 (May). "Ashtekar's Formulation for $N = 1, 2$ Supergravities as 'Constrained' BF Theories." Progress of Theoretical Physics. 95(5):863-882. (DOI: [10.1143/PTP.95.863](https://doi.org/10.1143/PTP.95.863))

10. (総説) Kiyoshi Ezawa. 1997 (Jul). "Nonperturbative solutions for canonical quantum gravity: An overview." Physics Reports. 286(5):271-348. (DOI: [10.1016/S0370-1573\(96\)00051-8](https://doi.org/10.1016/S0370-1573(96)00051-8))

(解説)

という訳で、「満を持して」3+1 次元 Ashtekar 形式の非摂動論的量子化に取り組んだ。

8、は、2+1 次元の研究の、「伏線回収」的な論文で、
3+1 次元 Ashtekar 形式で知られている「トポロジカルな解」 (=局所的自由度がない、ある意味「真空」の様なもので、大局的自由度だけに支配される) に対して、特に空間的トポロジーが3次元トラスの場合に、1、から4、の知見を拡張して適用している。

9、では更に、Ashtekar 形式を超重力理論に拡張した先行研究に基づき、更に、Ashtekar 形式は形式的にはBF理論という一種のトポロジー場の理論に余計に方程式を付け加えたものとみなせる、という事実を指摘・注目した上で、超重力Ashtekar 形式の「トポロジカルな解」を systematic に導出し、解釈した。

10、は基本的には私の博士論文にあたるが、1、から9、に渡る私自身の研究成果を中心に、Ashtekar 形式を用いたEinstein重力場理論の非摂動論的量子化に関する関連研究について論じた総説である。

なお、「基本的に博士論文は受け入れない」という Physics Reports の方針に沿うため、博士論文に加えて、

(Ashtekar 形式でのブラックホールのエントロピーの記述等を含む)
「新たな話題」に関する一つの節を追加することとなった。

[

どうでもいいつまらない失敗談だが、Physics Reports への総説の寄稿の「報酬」として、確かかなりの額 (当時10万円相当?) の小切手を出版社から受け取ったのだが、しばらく放置してから銀行に持って行ったら、「有効期限が切れている」と言われ、現金化できなかった。
「小切手はすぐに現金化せよ！」 という (高い) 教訓を得ることとなった。

]

この阪大時代の大きな反省点として、Ashtekar 形式の「実数性条件」 (reality condition) の問題について真剣な考察が出来なかったことがある。Ashtekar 形式の新しい変数は複素数 (場) であり、それが Einstein 重力場理論に対応するには、その新変数の実数部分が Einstein 重力場理論の接続に対応する必要があり、それを「実数性条件 (reality condition)」と呼ぶのだが、実はこの条件は非多項式であり、「ゴミを絨毯の下に掃いて隠した」様な状況になっている。だから、いくら (多項式の) 基本方程式の解が得られても、この「実数性条件」の問題が解決しない限り、本当の意味で「量子重力の問題が解けた」とは言えないのである。

[

Ashtekar のグループは最近でも精力的に研究しているみたいだが、彼らがこの「実数性条件」の問題をどう扱っているのかは定かではない。

]

< 基礎物理学研究所 (基研) 時代 >

(導入)

阪大博士過程終了後、学振研究員(PD)として基研で (3年間) 研究することとなった。当初は学振の申請書類に書いていた通り、Wilson loop を用いた Einstein 重力の非摂動論的量子化の研究を更に推し進め、

更には、Wilson loop を他のゲージ理論（特に量子色力学（QCD））の非摂動論的量子化にも応用するつもりでいたのだが、
気づいてみると超弦理論関連の研究に引き込まれていた。

基研に入っすぐに受け入れ教官の二宮博士の下で始まった
超対称性および超重力に関する教科書の勉強会、
および、超弦理論の代表的論文の勉強会、
が役に立つこととなった。

（二宮博士には、色々として頂き、大変感謝している。）

[超弦理論関連（2次元超重力理論の量子化）]

11. Kiyoshi Ezawa, Atsushi Ishikawa. 1997 (Aug). "Osp(1|2) Chern-Simons gauge theory as 2D N = 1 induced supergravity." Phys Rev D. 56(4):2362-2368. (DOI: 10.1103/physrevd.56.2362)

(解説)

先ず、大阪大時代の2年上の先輩、石川温博士の誘いを受けて、
超弦理論の「世界面」の振る舞いを記述する2次元超重力理論の量子化に関する研究を始めたが、
私も経験不足なところがあり、かなり難航した。

結局、この、ある種の2次元超重力理論は Osp(1|2) 超Lie群をゲージ群として持つ Chern-Simons 理論
と等価であることを示すに止まってしまった。

（でも、その際には、私がかつて Chern-Simons 重力理論を扱っていた経験が活かされた。）

せっかく誘ってくれた石川博士とはもっと沢山共著論文を発表したかったのに、
何だか大変申し訳ない気持ちであった。

[超弦理論関連（M-理論の行列正則化）]

12. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Aug). "Lorentz Symmetry of Supermembrane in Light Cone Gauge Formulation." Progress of Theoretical Physics. 98(2):485-505. (DOI: 10.1143/PTP.98.485)

13. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1997 (Oct). "BPS configuration of supermembrane with winding in M-direction." Physics Letters B. 412(1-2):47-52. (DOI: 10.1016/s0370-2693(97)01043-5)

14. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Apr). "Matrix regularization of an open supermembrane: Towards M-theory five-branes via open supermembranes." Phys Rev. D. 57(8):5118-5133. (DOI: 10.1103/physrevd.57.5118)

15. Kiyoshi Ezawa, Yutaka Matsuo, Koichi Murakami. 1998 (Oct). "Matrix model for Dirichlet open string." Physics Letters B. 439(1-2):29-36. (DOI: 10.1016/s0370-2693(98)01017-x)

(解説)

その後、海外で最新の知見を得て帰国した松尾泰博士の誘いを受けて、
当時博士過程の学生だった村上弘一さん（後博士）と共に、
当時最新の話題だった（幾つかの超弦理論を統一的に記述すると期待されたが
まだ良く分かっていなかった） M-理論を
NxN 行列を用いて（光円錐ゲージで）正則化する手法に関して研究することとなった。

先ず、**12**、では、行列正則化の元となる超膜理論の光円錐ゲージ形式に 1+1 次元 Lorentz 対称性が
本当にあるかどうか確かめた。

当然あることが期待される対称性だが、特殊なゲージ（光円錐ゲージ）を用いているために、
一部の対称性は本当にあるのかどうかはすぐには分からない。

松尾博士が作成した数式計算ソフト Maple のプログラムの助けも借りつつ、
3人で分担して膨大な計算を進め、
ついに対称性があることが確認できた。

[

正直いうと、この研究が私にとっては、素粒子論時代を通じ、最もハードで疲弊させる研究だった。

（ただし、遺伝研に移って以降と較べるとそれほどハードでもなかったかもしれない。）

一部には、私がコンピュータの出力がどうも苦手だというのが理由としてあるのかも知れない。

]

13、では、空間のコンパクト化されたモデルで最も簡単な、コンパクト化された各次元が円になった時に、
超膜理論の光円錐ゲージ（あるいは行列正則化されたM-理論）、特にその超対称性代数、
が矛盾なく記述できるか、について調べた。

光円錐に関わらない次元がコンパクト化された場合はほとんど自明だが、

光円錐に関わる次元がコンパクト化された場合、非自明である。

我々は後者の場合でも矛盾なく記述できることを示した。

それまでの $N \times N$ 行列を用いたM-理論の正則化は「閉じた」超膜に対応していたが、**14**、では、「開いた」超膜に対応する正則化について調べた。これがうまくいけば、M-理論のもう一つの「中心人物」とされた 5-brane（5次元の実体）の記述が可能になるかもしれないからである。その時私が注目したのが、反対称行列と Dirichlet 境界条件、対称行列と Neumann 境界条件、の間の対応である。この行列の「分解」と、11次元の6次元（5-braneに沿った方向）と5次元（5-braneと直行した方向）の「分解」に関する新たな公式を創設しながら計算を進め、だいたいうまく行ったが、一つだけ、交換条件が思い通りにいかないという問題が生じた。松尾博士の提案で、この問題の「非可換円筒」を使った解決法について考察することとした。（この論文に関しては、私が研究設計、計算、論文原稿執筆に至るまでの8割がたを手がけている。よって、その数学的高度さもあって、私の素粒子論時代の代表的な論文の一つと私はみなしている。）

15、は、14、の手法をII-B型の「開いた」超弦理論の行列正則化に拡張適用したものである。（ちなみに、14、は次元を（11次元から）10次元に落とすと、II-A型となる。）この場合、5-brane の代わりに Dirichlet 境界条件を与える D-brane が記述できる期待が持てる。（なお、この論文に関しては、提案は松尾博士が、実際の計算は村上博士が行っており、私は論文を「凝縮」して Letter として accept され易くするのに貢献した程度である。）

< 名古屋大学大学院理学研究科物理学教室時代 >

（導入）

基礎物理学研究所の後、生物物理学へ分野を変更するため、名大物理学教室の理論生物物理学の研究室に修士1年生として入った。最初の1、2年は生物物理学を含む物性物理学、生物学、そして（関連する）化学の知見を得るため、物理学教室の講義を受講するだけでなく、生命科学科や化学科の講義を聴講したりもした。そこには背景知識を少しでも生物学科出身者に近づけたいという思いがあった。その後、郷美智子博士の研究室や笹井理生博士の研究室のセミナー等にも参加させて頂いた。これらは、生物（学）にあくまでも誠実に向き合いたい、という思いからであった。

[指導教官にはこういった聴講活動や他研究所のセミナー参加等を快くご許可・ご支援頂いた。そのことには心より感謝申し上げます。また、「よそ者」である私のセミナー等への参加を快く受け入れてくださった研究者の方々にも、厚くお礼申し上げます。]

素粒子論時代の業績を鑑みると、ここまでしなくとも、あれこれと「怪しげな」論文を量産して発表することは出来たかも知れない。しかし、私はその様な（ある意味）「不誠実な」ことをする気は毛頭なかった。

あくまでも、人類の生物に対する理解を一步前進させる様な研究をするのが目的であり、そうしなければ、素粒子論を辞めた意味がない。

[「ただ、楽しむ為に研究する」という考えは私には毛頭なかった。]

研究者、科学者たるもの、
自分が楽しむ以上に、あるいは、研究のインパクトを上げる以上に、
「真実」「事実」を真摯に追求し、大衆に正直かつ誠実に伝えることを心がけねばならない。
それができないのなら、
そもそも研究者、科学者を志すべきではないのだ！
]

[光合成における励起移動機構]

上記の、いわば「研修期間」を経て、

当時の研究室での主要な研究テーマ、（電子移動、励起移動、分子動力学）
のうちの、紅色光合成細菌の光アンテナ系における励起移動の研究をすることとなる。
指導教官のライバルのグループが行なった
exciton 機構に基づく摂動論的計算（彼らは1次項まで計算していた）
の2次項を計算して、はたして彼らの計算に問題がないのか調べてみることとなった。

この研究に関しては、その結果に絡んで指導教官との間に相克が生じた為、
学術雑誌に投稿すべく論文は執筆しなかった。
（物理学会で発表はしたが、おそらく詳細な記録は残ってないだろう。）

その為、私の修士論文が唯一の研究記録として残っている
、、、 筈だったが、どうやら修士論文は所蔵されてないらしい。
（ネット上で検索しても引っかからない、、誰かが「葬り去った」か？、、、）

< 国立遺伝学研究所時代 >

[導入]

所属研究室（名大）での主要な研究テーマを研究することを禁じられた私は、
（DNA/RNA/タンパク質配列等の）分子進化の研究に次なる活路を見出す為、
日本におけるその道のフロントランナーの1人である国立遺伝学研究所のとある博士（以下、「受け入れ教官」）
の指導を（名古屋大の「受託研究生」として）受けることとなった。

[他研究室の"手伝い"]

この（遺伝学、分子進化学、（ゲノム解析を含む）生物情報学等の）世界ではよくある様だが、
他の研究室で行なっている研究のうちの一部の「成分」を、
いわば「外部発注（outsourcing）」の様な形で担当することが（私にとっては）たまにあった。

16. Kuniya Abe, Hideki Noguchi, Keiko Tagawa, Misako Yuzuriha, Atsushi Toyoda, Toshio Kojima, Kiyoshi Ezawa, Naruya Saitou, Masahiro Hattori, Yoshiyuki Sakaki, Kazuo Moriwaki, Toshihiko Shiroishi. 2004. "Contribution of Asian mouse subspecies *Mus musculus molossinus* to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence SNP analysis." *Genome Research*. 14:2439-2447. (DOI: [10.1101/gr.2899304](https://doi.org/10.1101/gr.2899304))

(解説)

（私の理解が正しければ、）
この研究はアジア（日本）固有のマウスの亜種、*Mus musculus molossinus*、から確立した
実験株系統（MSM/Ms）のゲノム配列解析を行い、
世界標準のマウス実験株（C57BL/6J（略称 B6）、主に亜種、*Mus musculus domesticus*）
のゲノムと比較したりしてその性質を調べよう、
というプロジェクトの開始段階で、
まず、MSMゲノムから細菌性人工染色体（BAC）ライブラリを構築し、
そこから取ったBAC末端配列を対応する（相同な）B6 配列と比較することにより
*Mus musculus molossinus*ゲノム配列のが B6 ゲノムに寄与する様子を調べている。
我々が頼まれたのは、MSMとB6の間の（約1%という）異常に高い配列差異が、
以前の研究による2つの亜種、*M. m. domesticus* と *M. m. molossinus*、の推定分岐年代（約100万年前）
とが矛盾しないかを調べることであった。
そこで私は（受け入れ教官の監督のもと）
マウス（B6あるいはMSM）とラットの配列の間の差を調べ、大体14-15%という値を得た。
これはおよそ0.15-0.17（置換/サイト）の進化距離に相当し、マウス/ラット分岐は大体1500万ー2000万年前と考えられて
いるので、矛盾がないという結果となった。

18. Masaru Tamura, Shigekazu Tanaka, Tomoaki Fujii, Aya Aoki, Hiromitsu Komiyama, Kiyoshi Ezawa, Kenta Sumiyama, Tomoko Sagai, Toshihiko Shiroishi, 2007 (May). "Members of a novel gene family, *Gsdm*, are expressed exclusively in the epithelium of the skin and gastrointestinal tract in a highly tissue-specific manner." *Genomics*. 89(5):618-629. (DOI: [10.1016/j.ygeno.2007.01.003](https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2007.01.003))

(解説)

哺乳類の胃や皮膚に発現する *gasdermine* (*Gsdm*) という遺伝子があり、
その相同配列がこれまで色々見つかってきていたが、
この研究では、広範囲にわたる相同配列検索とその後の注意深い配列解析および系統解析により、

gasdermine 遺伝子族を、いわば「再定義」している。
さらに、広範囲な発現解析を行って、新たに見つかった遺伝子族のメンバーももっぱら皮膚や胃腸の上皮細胞に発現することを明らかにした。

隅山博士と私は、この研究チームの依頼により、共同して Gsdm 遺伝子およびその相同遺伝子の系統解析を行った。
まず、
私が従来とは異なる注意深い相同性検索を行って、これまでに見つかった Gsdm 相同配列に加えて zebrafish 等の魚類にも新たに相同な配列を見つけた（後に DFNA5 や DNFB59 により近い配列とわかった）。
そして、
隅山博士がそれらの bootstrap 値も加えた系統樹を作成し、配列間の関係を検討した。
その結果、
Gsdm 遺伝子族と DFNA5 や DNFB59 の相同配列（のクラスター）とははっきりと分かれることが解り、
その後、（これは私がやったのではないが）Hox 遺伝子族との連鎖の様子なども考慮した結果、
どうやら、脊椎動物の祖先にあった「Gsdm 祖先遺伝子」が2度のゲノム重複により、
Gsdmaのグループ、Gsdmc & Gsdmd のグループ、Dfna5 のグループ、そして Dnfb59 のグループ、
に分かれたらしいことが明らかになった。

この解析により、
Gsdm 遺伝子およびその相同遺伝子の近縁関係による分類およびその進化的基盤
が確立した。

[重複遺伝子の分子進化機構]

17. Kiyoshi Ezawa, Satoshi Oota, Naruya Saitou, 2006 (May). "Genome-Wide Search of Gene Conversions in Duplicated Genes of Mouse and Rat." Molecular Biology and Evolution. 23(5):927-940. (DOI: 10.1093/molbev/msj093)

19. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikeo, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2010 (Sep). "Evolutionary Pattern of Gene Homogenization between Primate-Specific Paralogs after Human and Macaque Speciation Using the 4-2-4 Method." Molecular Biology and Evolution. 27(9):2152-2171. (DOI: 10.1093/molbev/msq109)

20. Kiyoshi Ezawa, Kazuho Ikeo, Takashi Gojobori, Naruya Saitou. 2011 (Aug). "Evolutionary Patterns of Recently Emerged Animal Duplogs." Genome Biology and Evolution. 3:1119-1135. (DOI: 10.1093/gbe/evr074)

(解説)

遺伝研に移ってからしばらくは、
特定の研究テーマを持たずに様々な配列解析（クラスターマシを使った大規模解析も含む）や
プログラミング（C、Perl）の手法を身につけたりする日々が続いたが、

確か2004年頃、斎藤博士が考案（実は再発明）した、2つの近縁生物種が分岐する前に重複してできた
重複遺伝子の「**四つ組**」を用いて**遺伝子変換**（ある遺伝子の部分配列をその重複コピーの対応部分で
「上書き」するメカニズム）を検出する方法、
をコンピュータプログラムに実装してゲノム規模で収集した四つ組の集合に適用するプロジェクトが始まった。
その後、この「四つ組法」は洗練されて行き、単に遺伝子変換を示すシグナルの有無だけでなく、
それらの配列中の分布も調べるようになった
（簡単に言えば、シグナルがお互い密集して現れれば遺伝子変換の可能性がより高い）。
全部で4つの統計検定を行い、その結果を総合して遺伝子変換の有無を判定するこの方法は、
斎藤博士が後に（19、）「**4-2-4法**」と命名することになるが、
実は最初の論文（17、）の時点で既に確立していたものである。

17、では、後に「4-2-4法」と呼ばれる方法を開発し、
それを初めてマウス／ラットのゲノム中の遺伝子セットから取ってきた四つ組に適用した。
約18%の四つ組が遺伝子変換（もっと正確には均質化（homogenization））に陽性であった。
さらに細かい解析により、物理的距離に近い程均質化が起きやすい事、相対向きは影響ないこと、
遺伝子族（機能カテゴリー）の中には均質化の影響を受けやすいものと受けにくいものがあること等がわかった。

19、では、「4-2-4法」をヒト／アカゲザルから取ってきた非冗長な四つ組に適用し、
マウス／ラットの場合と比較した。
また、ロジスティック回帰分析（logistic regression analysis）を導入して、
陽性率の様々な相関をより明確な形で検出した。
結果は、17、の結果を裏付けるとともに、
マウス／ラット（約30%）の方がヒト／アカゲザル（約10%）よりもずっと

(均質化の) "罹患率"が高いことを明らかにした。

[注 :

今回は非冗長なセットを用いている為、前回と若干割合が異なる。

]

また、少なくとも理論的には、均質化は遺伝子変換だけでなく、不等交叉によっても起こりうるが、均質化のパターンをつぶさに調べた結果は、遺伝子変換が均質化の主な原因らしいことを示唆した。

20、は実は、17、や19、の為に収集（構築）したゲノムワイドは重複遺伝子のセットを「再利用」して行った解析である。

今（当時）の風潮では、

単に平坦なデータを提示しただけでは論文を accept されそうになかったので、

（一般に研究者（あるいは編集者）が好きそうな）

「シナリオ」あるいは（筆者の）「狙い（意図）」を加味する為に、

各生物種ごとに、重複遺伝子間の同義置換距離を使って重複遺伝子セットを「輪切り」にし、

「（仮定の）時系列データ解析 (longitudinal analysis)」の体裁をとることとした。

[

ちなみに、生物種（動物）は、当時、高品質ゲノム配列が手に入った

ヒト、マウス、ゼブラフィッシュ、線虫、ショウジョウバエ2種、のみを用いた。

]

「ヒョウタンから駒」とはまさにこのことで、我々が予想しなかったことが判明した。

重複遺伝子間の位置関係（連鎖／非連鎖、距離、向き等）の分布は分岐年代（あるいは「年齢」）

によらず、ほぼ一定だったのだ！！

しかも、連鎖している遺伝子対のうち、遠い側の1/4 では、約半分が互いに逆向きであった

（ただし、線虫は除く）。

この結果は、（人々がよく考えがちな、）

「（特に連鎖した）重複遺伝子は直列重複で生じ、ゲノム再編成で離れていく、」

というモデル（描像）では説明できず、

遠い（しかも向きはランダムな）重複遺伝子対を「一発で」生じる何らかのメカニズムがある、

と考えて初めてうまく説明できる。

斎藤博士はこれを「漂流重複 (drift duplication)」と命名したが、

その裏には、「重複遺伝子は一旦染色体を離れてまた戻ってくるに違いない」という描像が頭にある。

ただ、私は、必ずしも染色体を（完全に）離れる必要はないかも知れないと思っている；そうのが、

「遠い側の1/4 は、実はそんなに遠くない（大抵は1Mbp 以下）」

という事実を説明し易い様な気がするからだ。

まあ、いずれ、何らかの実験、もしくは更に詳細なゲノム解析等が行われれば、

この「新たな重複メカニズム」の具体像が明らかになるのかも知れない。

[注 :

この「新発見」は、どこことなく、

かつて流行った“segmental duplications”に似ているように思うかも知れない。

しかしながら、（私の理解が正しければ、）“(inter-spersed?) segmental duplications”は単に

「ゲノム上には離れた重複配列対がかなりある」という「観測結果 (observation)」に過ぎず、

その言葉自体はそれらが生じるメカニズムについて何らかの示唆／主張をしている訳ではない。

（つまり、直列重複>ゲノム再編成 の結果であっても、

“(inter-spersed?) segmental duplications”には違いない。）

その違いは、（我々がやった様に）、中立進化距離が0.01 以下という「非常に若い」遺伝子対

について調べ、それ以外と比較しなければ、明らかにはならないのだ！！

]

なお、これら一連の研究（17、19、20、）に関し、

隅山健太博士には（遺伝子変換シグナルの密集具合を調べることや、

重複遺伝子データの「再利用」をすること等）いろいろな助言を頂いた。

ここに改めて感謝の意を表する。

< University of Houston (UH) 時代 >

[導入]

2008～2009年頃は、恐らくリーマンショックの影響等で、研究の世界でも予算の削減や助成金提供件数の減少などが見られたものと思われる。そのあおりを食ってか、私もまず、それまで雇われていたゲノムネットワークプロジェクトに解雇され、さらには研究室の「口減らし」の為にヒューストン (UH) に飛ばされる事となった。UH での新たな上司（受け入れ教官）、教授（総監督）とその配下の助教（現場監督）、は、多配列並び (multiple sequence alignment, MSA) の誤りを見つけ、修正する方法を開発するプロジェクトを立ち上げたばかりであり、私もそれに参加することとなった。（色々と「事情」があり、その「成果」を論文にまとめるまでにはかなりの年月を要した。下記、『UH 時代の「宿題」、、、、』参照。）

そのプロジェクトとは別に、（金がもっと欲しい）総監督の勧め（要請？）もあって、私は、遺伝研時代から興味を持ち始めていた（コピー数変異 (copy number variations, CNVs) も含む）ゲノム構造変異 (genome structural variations, SVs) のゲノム規模の集団遺伝学的解析を行うプロジェクトを構想していた。そして、プロジェクト提案書の草稿を書き上げ、総監督や現場監督に手伝ってもらって草稿を清書し、米国の国立衛生研究所 (National Institute of Health, NIH) の助成金申請プロジェクトとして提出した。

残念ながら助成金申請は reject されたが、そのプロジェクトの「予備研究 (preliminary analysis)」として、下記、**21**、の研究が行われた（主に、総研大葉山に勤務していた前半期間に、研究室から帰宅した後で「宿題」として行った）。

[ゲノム構造変異 (genome structural variations, SVs) の集団遺伝学的解析手法]

21. Kiyoshi Ezawa, Giddy Landan, Dan Graur. 2013. "Detecting negative selection on recurrent mutations using gene genealogy." BMC Genetics. 14(1):37. (DOI: 10.1186/1471-2156-14-37)

(解説)

上記でも述べたように、これは、もともとは SVs のゲノム規模の集団遺伝学的解析を行うプロジェクトの「予備研究」であった。プロジェクトでは、各遺伝子座 (locus)（もっと正確には各 SV 領域）における SV の遺伝子系図 (gene genealogy) 上での分布パターンから SV の頻度（あるいは率 (rate)）と淘汰係数 (selection coefficient) の分布を求める手法を開発することになっていたのだが、その為には、まず、分布パターンから、その SV が淘汰的に中立か？正の淘汰を受けてるか？負の淘汰を受けてるか？をある程度判定できなければならない。しかしながら、特に負の淘汰の検出は、非常に困難な問題として有名であった。そこで私は考えた、

「負の淘汰の一つ一つのシグナルは弱くても、もしも、系図上に複数回現れる様な非常に頻度 (rate) の高い SV だったら、その複数のシグナルの『合わせ技』で検出が可能になるのではなからうか？」と。これを検証する為に、頻発変異への負の淘汰に敏感な新たな2つの検定統計量を組み入れた、**「頻発変異への負の淘汰を検出する手法（プログラム）」** (detecting negative selection on recurrent mutations, **DENSERM**) を開発し、シミュレーションで発生した SV パターンおよび（系図を推定する為の）両側の1塩基多型 (single nucleotide polymorphisms, SNPs) のパターン（＝ハプロタイプ (haplotype)）のデータに対し、DENSERMを適用してみた。結果、淘汰係数がかなり大きくて、遺伝子系図上で複数のSVsが起きたことが認識できる程度の、適当な（つまり小さすぎずかつ大きすぎない）rate の場合には、かなりの検出力があることが判明した。

ただ、残念なことに、我々が上記の SV 集団遺伝解析プロジェクトを遂行する為にあてにしていた（BAC配列決定により）データセットを収集する実験プロジェクト（Eichler らが主導）が中断してしまった様で、その結果、我々のSV 集団遺伝解析プロジェクトも断念せざるを得なくなった。

< 総研大葉山時代 >

[導入]

もともとは、前述のUHでのプロジェクト終了（2011年6月末）から（これも前述の）UHでの次の助成金プロジェクトの開始までの数ヶ月の間に必要な集団遺伝学の専門的知識&技術をできる限り身につける為に日本国内の第1級の集団遺伝学の専門家にお世話になる必要があって、総研大葉山の印南博士にお世話になることになったのだが、その後（上記）助成金プロジェクトが reject されて、いわば「糸の切れた凧」のようになってしまったところを更に一年以上置いて頂いたのにはまことに感謝している。（元部下の分際で恐縮だが、）印南博士は（集団遺伝学関連の）数学にも造詣が深い、それ以上に、直感的な理解力、そこからの新たな研究の企画力に優れている研究者だと思う。（ただ、少し強引すぎるところがある様な気はする。、、、まあ、PI になる様な人物は大抵そうなのかもしれないが、、、。）

[新しい集団遺伝学的手法]

22. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Aug). "Theoretical framework of population genetics with somatic mutations taken into account: application to copy number variations in humans." Heredity. 111:364-374. (DOI: 10.1038/hdy.2013.59)

23. Kiyoshi Ezawa, Hideki Innan. 2013 (Jul). "Competition Between the Sperm of a Single Male Can Increase the Evolutionary Rate of Haploid Expressed Genes." Genetics. 194(3):709-719. (DOI: 10.1534/genetics.113.152066)

(解説)

（私に対してだけそうだったのかどうかは判らないが）印南博士はまだ誰も手をつけてない新しい研究に手をつけてすぐに撤退するのが好きそうだった。ここでの研究スタイルは、印南博士のアイデアを私が数学的に実現し、実際の実験データを用いて検証解析をする、というものであった。

まず、**22**、では、（普通の祖先での生殖系統での変異の蓄積に加えて）体細胞変異および実験エラーの効果／影響を取り入れた**新しい理論的枠組み**を構築し、それを一つは一卵性双生児の CNVs の実験データに適用し、もう一つは、ヨーロッパ由来の20人から取ったゲノムワイドなCNVsの対立遺伝子頻度スペクトル (allele frequency spectrum, AFS) の実験データに適用し、新しいモデルがよくフィットすることを確かめた。

[

この論文が雑誌掲載されるまでには、紆余曲折があった。印南博士の始めのアイデアでは実験エラーの効果は考えず体細胞変異の効果だけだった。それだと、最初の一卵性双生児のデータでは、どうしても有効集団サイズが1000以下（ヒトの有効集団サイズは10000と知られている）と非常に不自然な値になってしまい、私は何かがおかしいと思い、その結果を論文に含めるのをためらったが、彼に押し切られ、それをいわゆる champion data に使って (Geneticsに) 投稿した。そこで、査読者の1人が（恐らく直感的に気づいて）「何かおかしい」とコメントし、それが元で reject されてしまった。そのおかげで私は彼を説得する事ができ、問題のデータに関しては「実験エラー何かのせいかも知れない」とトーンを下げて論文を書き直し、今度は Heredity に投稿した。そこで、査読者の1人から、「実験エラーも枠組みに加えたかどうか？」と助言され、枠組みを体細胞変異および実験エラーを考慮に入れたものに拡張し、論文を改定して accept された。

]

次に、**23**、は（私だけではとても考えつかない）非常にユニークな仕事である。背景として、生殖関連遺伝子は一般に進化速度が大きい、あるいは正の淘汰の検定に引っかかりやすい、という傾向があって、通常はそれを文字通り、生殖関連機能は正の淘汰を受けやすいと解釈する。しかし、印南博士が考えたのは、「精子は何百万～何億個の中から一つだけが選ばれて卵子と融合（受精）するから、その様な激烈な競争の下では、受精に関わる機能のわずかな差異でも受精できるか否かに大きな影響を与えうるのでは？」という事だった。

そこで、私は（簡単な設定として）2種類の対立遺伝子の（億単位の）集合中の「**ベスト**」同士の対決というモデルに置き換えて、「最大値（最小値）の分布」を用いて対決の結果（どちらの対立遺伝子が「勝つ」か？の確率）

を計算することにより、
実際に、（平均では）わずかな差しかなかったとしても、勝負の結果には大きな違いを与えうる事を示した。

この、生殖関連遺伝子の進化に関しては、
多くの研究者が様々な（かなり複雑な）モデルや機構を考案しているのだが、
我々の（もっと正確には印南博士の）モデルでは、複雑な機構は何ら必要なく、
ごく普通の設定の元でも「淘汰の増幅」が起きうる。
そういう意味でも、この仕事は大変ユニークであり、
生殖関連遺伝子の進化の分野に新たな一石を投じたと見えよう。
（残念ながらまだあまり知られていない様ではあるが、、、。）

この他にも、印南博士からは4～5個ほどの面白い案を提示されたのだが、
調べてみたところ、どれも既に幾つかの先行研究があり、ある程度進んでいる様であった。
そこで、あまり深入りしないうちに撤退することとした。

私個人としては、
UH から帰国後2年以内に5本以上論文が書ければ
もう少し踏ん張って（教授、准教授、PI 等）「終身研究者」を目指してみようかとも思っていたのだが、
残念ながら3本（UHの「宿題」1本、印南先生と2本）にとどまってしまった。
そこで、（だんだん体調も悪くなってきていた事もあって、）
もう諦めて、次の場所、それがどこであれ、で「最後の研究」にする、
と決めた。
この最後の研究の候補には3つほどあった：
（1）重複遺伝子（もしくはゲノム再編成）関係；（2）集団遺伝学関係；（3）多配列並べ（MSA）関係。

私自身は（分野全般へのインパクトという観点から）（3）が「最後」には一番ふさわしいだろうとは思っていたが、実際に何を研究するかは、受け入れ先の研究室（研究者）に大きく依存する。
まずは（常套どおり）海外の研究者数名（10名未満）にコンタクトを取ってみたところ、
そのうち2、3名は多少なりとも興味を示したが、最終的には断られた。

[
その頃から私は体調が悪化して来ていて、命を落とす可能性も考えていたので、
（海外に行かずに済んだことには）実は内心ほっとした。

]
そこで、国内の研究者の始めとして、日本における配列並べの権威である先生の一番弟子である先生にコンタクトし、色々あったが、最終的に受け入れてもらうこととなり、
その受け入れ教官の新たな赴任先である九州工業大学（九工大）飯塚キャンパスに私も移ることとなった。

< UH 時代の「宿題」 & 九州工業大学時代 & 秩父時代 >

(導入)

「多配列並べ (multiple sequence alignment, MSA) における誤りの修正」
というのは、そもそも私が University of Houston (UH) で参加していた研究プロジェクトの主要テーマである。
そのプロジェクトで、私は先ず、（塩基（アミノ酸）置換モデルを使って計算した）
MSAの塩基（またはアミノ酸）の配置の様子の出現確率をスコアとして用いることを提案し、
それは他のスコア候補よりも良い結果を与えた。
そして、プロジェクトの終わり頃（2011年6月）には、
（ギャップの置き方が大きく異なる場合どうしも比較できる様に、）
ギャップの配置の様子から挿入／欠失の歴史を推定して、ギャップの配置の様子の出現確率を求めて
それをスコアに加味することを提案していた（が、当時の上司達からは何の反応もなかった）。
そして、何故かはわからないが、
このプロジェクトは一本の論文も執筆することもないまま（ほとんど「強制終了」に近い形で）終了した。

[
一応、名目上は、「最終段階で失敗したから」ということになっていたが、
通常、その様な場合でも、その途中段階で出た成果を元に何本かの論文を書くものである。
、、、私は何か「黒い影」を感じざるを得なかった。
（今になってみると、私には幾つか心当たりがある。）
、、、ひょっとしたら、NIH の助成金申請プロジェクトが reject されたのも、
実は、無関係では無いかも知れない。

]

さて、プロジェクトが終了し、(2011年7月に)日本に帰ってからは、
上記の様に総研大葉山の印南博士の下で集団遺伝学の研究をしていたが、
勤務時間が終わって(横須賀の)アパートに帰ってからは、
まず、(上記の様に)UH から持ち越した「宿題」として、SVs の集団遺伝の研究を進め、

それがひと段落した後(2012年10月頃)からは、
UH 時代の主要テーマであった「MSAにおける誤りの修正」の際に自分が提案した部分をつぎはぎした、
新たな研究プロジェクトを「宿題」として進めた。そこでは、
(通常よく行われている様に)塩基(アミノ酸)置換モデルの下で計算した MSA の残基成分の確率に加え、
挿入/欠失モデルの下で計算した **MSA のギャップ成分の確率**を近似的に計算する方法をほぼ完成させ、
両者(正確にはその対数)を加えて、
MSA の「**完全尤度スコア (complete likelihood score)**」(、、これは後の Landan 博士の命名)
とするプログラム(後の“LOLIPOG”と“ComplLiMment”)を開発し、
その有効性を検証する為に幾つかの(シミュレーションで生成した MSAs を使った)
「予備実験」を行っていた。
それは、総研大葉山から九工大(飯塚)に移った後でも、
勤務後の「宿題」として細々と続けていた
(その頃の「本業」は、受け入れ教官(九工大)のプロジェクトの手伝いだった)が、
恐らく2014年4月頃に受け入れ教官(九工大)と相談して、
この、「MSAにおける誤りの修正」がらみのプロジェクトを「本業」として
勤務時間内にやって良いことになった。
(このことに関しては、受け入れ教官(九工大)には心より感謝している。)
(なお、私が UH 時代の(元)上司達に送ったメールに対する現場監督の返信が、
矢田博士の決心の後押しをしたのではないかと私は推量している。
その返信を送ってくれた現場監督にも大変感謝する。)

そして、その、いわば「UH からの宿題」を終えた後に続く
新たな(統計的)MSA 手法(暫定的に
「**配列並び近傍探索プログラム**」(alignment neighborhood explorer, **ANEX**)と名付けた)
の開発は九工大でのオリジナルな研究(できれば受け入れ教官(九工大)にも参加頂く)として進めることと
決定した。

[多数配列並べ (multiple sequence alignment, MSA) における誤りの修正に関して]

24. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). “General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: are alignment probabilities factorable?” BMC Bioinformatics. 17:304. (DOI: 10.1186/s12859-016-1105-7)

25. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Sep). “General continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions: local alignment probability computation.” BMC Bioinformatics. 17:397. (DOI: 10.1186/s12859-016-1167-6)

26. Kiyoshi Ezawa, Dan Graur, Giddy Landan. 2015 (Aug). “Perturbative formulation of general continuous-time Markov model of sequence evolution via insertions/deletions, Part IV: Incorporation of substitutions and other mutations.” unpublished (available at bioRxiv). (DOI: 10.1101/023622)

27. Kiyoshi Ezawa. 2016 (Mar). “Characterization of multiple sequence alignment errors using complete-likelihood score and position-shift map.” BMC Bioinformatics. 17:133 (DOI: 10.1186/s12859-016-0945-5)

(解説：経緯)

先ず、上記の現場監督の返信により、論文を2分割することとした。
一つは純粋に挿入/欠失の進化モデルの下で MSAのギャップ成分の出現確率を計算する手法
のみを扱った論文(上記24、25、26に対応)、
もう一つはそれに塩基(アミノ酸)置換のモデルの下で計算したMSAの残基成分の出現確率も加えた
「完全尤度スコア (complete likelihood score)」
を用いてMSAにおける誤りを分類して詳細に調べた論文(上記27、に対応)である。
ところが、その後、前者の論文を洗練して投稿しようという段になって、
現場監督といさかいが生じたのだが、
私はそれでも論文をまとめあげて BMC Bioinformatics に投稿した。
これが非常におかしな査読のプロセスを経て、結局 reject された。
(詳細は「私に起こった出来事」)

reject された際の、いささかまともな査読者&編集者の懸念、「先行研究を十分に考慮していない」、
に應えるべく、その後、一ヶ月ほどかけて3番目の査読者から指摘された先行論文
およびそこで引用されている重要論文を（数十本ほど）読み、

（配列対並べ（pairwise sequence alignment, PWA）に関する論文一本
、Mikl\`{o}s, Lunter, Holmes (2004. Mol Biol Evol. 21:529-540) 、を除き、
そもそも、「**真の (genuine) 」配列進化モデルを用いていない**という

それら**先行研究の欠点**をあぶり出し、

更には、我々の（正確には私の）挿入／欠失の進化モデルの下で

MSAのギャップ成分の出現確率を計算する手法は、

それまで空間的に均質なモデルしか扱ってなかったのを、その条件をとばらって**一般化**し、

どんな時に（Miklos et al. (2004) の "long indel" model の様に）

確率を各ギャップあり区間（gapped segments）からの寄与と

それ以外をひくくめた部分（overall factor）との積に

「因数分解」できるのか、その条件を明らかにした。

あまりにも（これまでに扱われた事のない）新しい内容が多かったので、それらを詳細に記述していたら、
324ページ（＝本文182p＋補助資料142p（＝47+47+48））の「大作」になってしまった。

その為、

技術的に独立した部分を4つに分割して（そのうちの一つが上記**26**、である）、先ず bioRxiv に掲示した。

そして、

それらを概観した、いわば総説のような「論文」を Journal of Molecular Evolution に投稿したところ、

またも**非常におかしな（不公平な）査読プロセスを受け**（これも詳細は「私に起こった出来事」）、

reject されてしまった。

そこで、もう一度再編成し、

まず、まだ十分に数学的解析またはシミュレーション「実験」などによる検証が済んでいない、

挿入／欠失以外の変異メカニズムの取り扱いに関する理論的考察の部分（**26**、）を外し、

残った部分を、**一般的、概念的な理論部分（24、）と**

具体的な確率の計算方法およびアルゴリズムを提供して検証している部分（**25**、）とに分けて、再投稿した。

この際には、

Journal of Molecular Evolutionに投稿した論文を非常に高く評価してくれた専門家に

「推薦書」を書いてもらい、それを添付して投稿した。

今度は比較的早く（それでも標準と比べると遅いが、、）accept されたものの、

その後の論文掲載のプロセスが異常に遅く、

掲載までに（普通は一ヶ月もかからないところを）数ヶ月以上を要してしまった

（これも詳細は「私に起こった出来事」）。

そして更に、on line されている部分に多くの誤りがあったので、

その Erratum（正誤表）を掲載するように頼んだら、**さらに数ヶ月を要した**

（これも詳細は「私に起こった出来事」）。

この様に、「**誰か**」が裏で糸でも引いていない限り、**起こりそうもない出来事が相次いで起こった。**

これは、まず間違いなく、「**誰か**」の仕業であろう。

それが複数（団体）か単数（団体）かはわからないが、**少なくともその一部は、**

これら一連の出来事の前後に起こった事を見れば、ほぼ明らかである

（これも詳細は「私に起こった出来事」）。

[

ちなみに、上記 Journal of Molecular Evolution への投稿の直前くらいに、

27、の論文の「最終草稿」を書き上げて現場監督に見せたところ、

突如「投稿はするな」と言われたので、

その理由を詰問したところ、彼は理由も告げずにこの一連のプロジェクトから撤退し、

それに続いて総監督も去ることとなり、その結果、

これらの bioRxiv に掲示したバージョンは彼らとの共著の形になったが、雑誌掲載論文は私の単著という

不自然な形となってしまった。

しかしながら、そもそもこれら（24、－27、）の論文の内容は、私の提案から始まり、

私がすべてプログラミング、コンピュータ「実験」、そして草稿の作成に至るまで手がけたもので、

彼らは内容を分割する提案とか、草稿の英語を添削したりくらいしかしていない

（現在の出版倫理の基準では、それらは謝辞（Acknowledgments）に記載する）ことを考えると、

本来は最初から私の単著とすべきだったのかも知れない。

ただ、私としては、University of Houston にいた1年9ヶ月の間お世話になった彼らに

どうしても「恩返し」をしたいという思いから、

少しでもこのプロジェクトもしくは論文作成プロセスに関わってもらって

共著として出したかったのだが、この様な次第となってしまう大変遺憾であるし
彼らにも大変申し訳ない事をしてしまったと思う。

(ただし、だからと言って、彼らが私に嫌がらせ、妨害をしても良いということにはならない。)

]

(解説：内容)

経緯が長くなってしまったが、論文の内容を手短に説明しておく、

24、では、挿入／欠失の速度 (rate) がサイトあるいは領域ごとにより変化する様な非常に一般的な「真の (genuine) 」配列進化モデルの下で、
与えられた (祖先配列と子孫配列間の) 配列対並び (PWA) 、および多数配列並び (MSA) の出現確率を形式的に計算するのを容易にする理論形式を提唱し、
PWAおよびMSAの出現確率が
各ギャップあり区間 (gapped segments) からの寄与とそれ以外の要素との積に **「因数分解」できる条件を**
明確に与え、また、実際にどの様なモデルがその様な条件を満たしうるかを考察した。

25、では、各ギャップあり区間 (gapped segments) からの寄与を**具体的に計算する手法**を幾つか与えた。
特に、(1) PWAにおける各ギャップあり区間を生じる挿入／欠失の最節約的な歴史からの寄与と、
それに次ぐ歴史からの寄与を具体的に計算する方法；
(2) PWAにおける各ギャップあり区間のうち、挿入型もしくは欠失型どちらかのギャップのみから成る区間の寄与を「実質的に」厳密に数値計算するアルゴリズム；
(3) MSAにおける各ギャップあり区間を生じる挿入／欠失の最節約的な歴史を網羅するアルゴリズムと、
それらからの寄与の総和を計算するアルゴリズム、を提案した。
(これらの手法およびアルゴリズムはプログラムパッケージ、
LOLIPOG (log-likelihood for the pattern of gaps) 、にまとめて提供されている。)
そして、数値計算およびシミュレーションを用いて、PWAとMSAのそれぞれのギャップあり区間で、
最節約的な歴史からの寄与だけによる近似が悪くなる「境界」は、
 $\{\text{時間 (枝長)}\} \times \{\text{挿入／欠失の全頻度}\} \times \{\text{ギャップの長さ}\}$ の全枝にわたる総和が $O(1)$ になるところ
であることを明らかにした。

26、では、挿入／欠失以外の変異 (塩基 (アミノ酸) 置換、重複、逆位、相同組み替え、遺伝子変換、etc.)
を扱うには我々の理論形式 (**24、**) をどの様に拡張したら良いかを示した。
特に、挿入／欠失と塩基 (アミノ酸) 置換の両方を扱う場合に、
配列並びの出現確率がその二つの寄与の積に分解できる為の条件について論じた
(この条件の導出よりも簡単な証明は**27、**の補足資料で与えている)。

27、では、与えられたMSAの、塩基 (アミノ酸) 配置とギャップ配置の両方を考慮した
出現確率の対数 (= **完全尤度スコア (complete-likelihood score)**) 、これは現場監督の命名)
を計算するプログラムパッケージ、

CompLiMment (Complete-Likelihood from Multiple sequence alignment) 、を開発し、
これを用いて2つの代表的なMSA復元プログラム、MAFFT と Prank、で復元された
(シミュレーションで生成された配列の) MSA に生じた誤りの特徴付けた。
その結果、誤りのある部分の (ほぼ) 大半では、
復元されたMSAの方が真の (true) MSAよりも完全尤度スコアが大きいことが判明した。
これは、一つの最適なMSAのみを与える (伝統的な) 手法の限界を指摘し、
複数の可能な (あるいは尤もらしい) MSAs の確率分布を求めることの大切さ、有用さを示唆している。
もう一つの柱は、**「位置変化写像」 (position-shift map)** の提案である。
これは、復元されたMSAと真のMSAを比較して、
その中の各々の塩基 (アミノ酸) の位置の変化 (position-shift)
をどちらか一方のMSAに写像したものであり、
(復元された) MSA中の誤りを一塩基 (アミノ酸) 単位で調べるのに向いている。
我々はこの位置変化写像を用いて、各々の誤りを含む領域の圧倒的多数では、
せいぜい数個の位置変化のブロックの移動で誤りが説明できる事を示した。
このことは、単に復元されたMSAの **「近傍」を探索して確率分布を計算する手法が**
かなりうまくいくかも知れない事を示唆している。

これら一連の研究 (**24、— 27、**) の結果が、次なるプロジェクト、
ANEX (alignment neighborhood explorer) **開発プロジェクト、**
へとつながることになる。

[より正確かつ「正直」な（統計的）多数配列並べ (MSA) の手法の開発に向けて]

28. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "New perturbation method to compute probabilities of mutually adjoining insertion-type and deletion-type gaps in ancestor-descendant pairwise sequence alignment under genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions: the 'last piece of the puzzle'." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00005.lastpiece.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

29. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "Alignment Neighborhood EXplorer (ANEX): First attempt to apply genuine sequence evolution model with realistic insertions/deletions to Multiple Sequence Alignment reconstruction problem." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00006.anex.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

30. Kiyoshi Ezawa. 2020 (Aug). "Substitutional Residue-Difference Map (SRD Map) to help locate mis-alignments in Multiple Sequence Alignment (MSA): toward Artificial-Intelligence-assisted probability distribution of alternative MSAs." unpublished; preprint (KEZW_BI_ME00007.srdmap.pdf) available at (<https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/Documents/Preprints/>).

(解説：経緯)

この、**ANEX** (alignment neighborhood explorer) **開発プロジェクト**の進行は**遅れに遅れた**。

(その事実こそ、本当なら共同研究（開発）者になって頂きたかった

受け入れ教官（九工大）の本音が見え隠れしていると言えよう。）

私がその「**青写真 (blueprint)**」の第1草案を書き終えたのは、2015年11月26日、その月の初めには（上記の）J Mol Evol. への投稿論文が reject され、また、27、の論文を最初に投稿してひと段落ついた後で、その「間隙」を縫って書き進めたのであった。私は、J Mol Evol. への投稿論文（すなわち24、— 26、をまとめた様なもの）に関しては、すでに「本体」は bioRxiv に掲示してあるので、無理に雑誌掲載しなくてもいいやと思っていた。（何故なら、ANEX の完成こそが最優先事項で、ANEX さえ完成すれば、それに関する論文を雑誌掲載できる見込みだったからである。）しかしながら、私が（上記の）「青写真」第1草案を提出すると、受け入れ教官（九工大）はしきりにJ Mol Evol. への投稿論文の書き直しおよび（どこかの雑誌への）再投稿を勧めてきた。私はまんまとその話に乗せられ、ANEX 開発プロジェクトは中断した。（上記の様に）投稿論文を24、と25、に分割して2016年3月の始めと終わりに投稿した後も、査読プロセスこそ比較的円滑だったが、その後の雑誌掲載プロセスが遅々として進まなかったため、度々編集部へ問い合わせなければならず、ANEX の開発に集中できなかった。しかしながら、本当に酷かったのは、24、が雑誌掲載された後で、web site に掲示されているバージョンが間違いだらけで、その Erratum（正誤表）を出すのに更に遅々としたプロセスを経るわ、以前に「推薦書」を書いてくれた研究者が「反旗を翻して」（事実と異なる記述をすることにより）私のこれらの論文の価値を不当に下げる様な論評(commentary) を雑誌投稿＞掲載するわけで、それらの対応に追われてしばらく（約1年間）はANEX の開発どころではなくなった。（詳細は「私に起こった出来事」）

[

この「論評」が掲載された直後も、受け入れ教官（九工大）が「『論評の論評』を書こう」と提案してきたが、私は、そんなことをしても（周りは「敵」だらけなので）それが accept されてさらに掲載されるまでにはとてつもない時間がかかるだろうと見越していたので、彼の提案は断った。

（今では、その提案自体（そして元の「論評」すら）、ANEX の開発を遅らせる為の「わな」（あるいは「共謀」）だったのでは無いかと疑念を抱いている。）

]

、、、こんなの、偶然には決して起こり得ないので、**きっと誰かが裏で糸を引いていた筈である**。（私は、いつも私の「そば」にいながらやたらと落ち着いていた「誰か」が片棒を担いでいたと睨んでいる。）

そして、ようやく2017年の6月にANEX 開発プロジェクトを本格的に再開でき、「青写真」の肉付けを進め始めたら、今度は受け入れ教官（九工大）が「生命情報学&計算生物学百科事典 (Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology)」(以下、略して「百科事典」) の "Genome Alignment" (ゲノム配列並べ) という記事を書かないか？と持ちかけてきた。私はその当時はまだ、ANEXが成功するかどうか、はっきりと予測がつかなかったので、

（本来私の専門ではないのにも関わらず）この記事を受け入れ教官（九工大）と共著で書けば、多少は彼への恩返しもできるのではないかと考え、彼との共著で、という条件付きで引き受けた。しかしながら、ふたを開けてみると、そもそも専門ではないことも手伝い、（病気を抱えている為に1日の活動時間が限られているにも関わらず）100を超える文献を読むハメとなり、私の担当部分（全体の80%以上）がひと段落つくの約半年、すべてが終わるのに約一年を費やしてしまい、その間、ANEXの開発はほとんど進まなかった。そして、私が彼を「敵」からの攻撃から「保護」する為に、（80%以上は私が手がけたにも関わらず）authorshipを撤回し、また、記事から私の論文および関連する文（あるいは節）をすべて消し去ることを持ちかけると、形ばかりの確認をとっただけであっさりと受け入れてしまった。

[

持ちかける際には「この記事はあなた（江澤）の業績になる」

「この記事はANEXの論文を書く際の土台になる」みたいなことを言っていたにも関わらずである。

、、、ちなみにそれら自体は私はどうでも良い。

（私がこの執筆を引き受けた唯一の理由は、彼に「恩返し」をする為であったのだから。）

ただ、手を翻した様な態度の変化が許せないのだ！

]

こういうことが度々起こったので、私は本当に受け入れ教官（九工大）がANEXの開発&普及に協力する気があるかどうか確かめることとし、結果として、「ない」と結論した。

（詳細は「私に起こった出来事」）

そこで、ようやく、彼をANEXの開発プロジェクトに関わらせて一緒に論文を書こうという私の意向は恐らく彼にとっては「迷惑千万」でしかなかった事を悟った、と共に、これまでずっと騙されてきたことに憤りを覚えた。

そこで、彼に「未来永劫会わない」と宣言し、「最後のお礼」として高級酒、菊理姫、を贈って、「永遠の別れ」をしたのであった（2018年9月）。

ただ、別れ際、受け入れ教官（九工大）は受け入れ教官（遺伝研）の関与をほのめかした。確かに、これまでの一連の「おかしな出来事」は、受け入れ教官（遺伝研）が（恐らく総監督（UH）と共同で）裏で糸を引いていたと考えるとかなりよく説明はつく。

（詳細は「私に起こった出来事」）

[

恐らく受け入れ教官（九工大）は、私の最も身近から「監視」し必要ならば「妨害」する「実行部隊」だったのであろう。

]

、、、しかしながら、大の大学教授が3人（あるいはそれ以上）もよってたかって「無職」の私を痛めつけるとは、、、

、、、これって、「いじめ」（&パワハラ）以外の何であろうか？

その後、ANEXの開発は2018年10月に再開し、それからはようやく作業がはかどった。そして、いくつかの「越えなければならぬ壁」を越え、（詳細は「私に起こった出来事」）、2020年6月にはほぼ全ての開発およびテストを終え、2020年8月1日までに**28、29、30**、の論文をほぼ書き上げ、2020年8月13日にBioinformatics.orgのFTP repository上（グループ名：anex）で、2つのプログラムパッケージ**ANEX_P (alignment neighborhood explorer, Perl version)**と**LASTPIECE_P (local-alignment state probabilities that insertion-type and deletion-type gaps co-exist, Perl version)**、を公開し、上記論文もプレプリント（preprints）として提供した。

しかしながら、もう「**時間切れ**」間際となってしまった為、論文の雑誌掲載はあきらめざるを得なくなった。

、、、きっと、「彼ら」はこうなったことを内心ほくそ笑んでいるに違いない

、、、本当に口惜しくてたまらない！！

(解説：内容)

これら（**28、29、30、**の）論文は、プログラムパッケージ、**ANEX(P) (alignment neighborhood explorer (, Perl version))**、
に関わる手法やアルゴリズム、あるいはそれらの土台となる理論に関して記述している。

29、が、**ANEX(P)**、の**屋台骨部分と主要な機能**に関して記述している。

簡潔に述べると、**ANEX**は、入力MSAの「**近傍**」を探索し、
与えられた配列の系統樹と与えられた「**真の (genuine) 」**配列進化モデルの下で、
訪れた **MSAs の出現確率**を計算してその結果をまとめて出力するプログラムパッケージである。
そのプロセスを簡単に説明すると、ANEXは、
まず、**入力**として、ある（大抵は復元された）MSA、その並べられた配列の系統樹、
そして、進化モデルのパラメータ（挿入／欠失の速度と長さ分布、塩基置換モデルパラメータ、等）、
更には、あらかじめ計算された（祖先－子孫）PWA のギャップあり区間（gapped segments）の寄与の表、
を受け取る。
そして、入力 MSA をスキャンして、複雑で修正不能そうな誤りの候補と
相同領域の（ある枝を挟んだ）単純なズレによる誤りの候補（"purge-like-error" candidates, PCs）を検出し、
前者をその後の解析から排除してから、入力 MSA を覆う（お互いに重複し得る）**ウィンドウ**を生成する。
次に、各ウィンドウにおいて、様々な「**基本的動き**」を組み合わせる入力 MSA の「**近傍**」を探索し、
訪れた（代わりの）MSAs の出現確率を、「**真の (genuine) 」**配列進化モデルの下で、計算する。
最後に、結果（つまり、「**近傍**」における代わりの **MSAs の確率分布**）を幾つかの形式の表として**出力**する。
これらの計算を高速に行う為に、ANEXには様々な「**工夫**」が施されており、
論文にはその様な「工夫」を与える手法やアルゴリズム、
そしてその**理論的裏付け**等についても、かなり詳しく記述してある。

いずれにせよ、

この世に MSA 復元プログラムや統計的 MSA を実行するプログラム／手法は既に数多く存在するが、

我々の知る限り、「**真の (genuine) 」**配列進化モデルを
MSA 復元や統計的 MSA の問題に適用（応用）するのは、
この ANEX が初めてである。

28、は、ANEXの重要な入力データの一つである、

（祖先－子孫）PWA の**ギャップあり区間**（gapped segments）の**寄与**（の表）を、
「**真の (genuine) 」**配列進化モデルの下で、かなり正確に計算する手法についての記述である。

我々は、**25、**で、その様なギャップあり区間を4つのケース

（ケース1：2つのギャップなしカラムの間に（塩基もしくははアミノ酸）残基がない場合；

ケース2：祖先残基のみある場合；ケース3：子孫残基のみある場合；

ケース4：（互いに非相同な）祖先残基と子孫残基がある場合）

に分類し、ケース1、2、3に関しては、実質的に正確な寄与を数値計算するアルゴリズムを既に与えた。

したがって、**ケース4ギャップあり区間の寄与**を正確に計算できる手法があれば、

Miklos et al. (2004) (MBE 21:529-540) および

Holmes & Bruno 2001 (Bioinfo. 17:803-820) あるいは

Holmes 2003 (Bioinfo 19:i147-i157) の結果（の「**真の (genuine) 」**配列進化モデルへの適用）

を踏襲して、PWAs や（特に祖先配列のギャップ状態が定まった）MSAs の

出現確率を正確に計算できる様になる。

すなわち、ケース4区間の寄与の正確な計算が、

配列並びの出現確率計算という「**パズル**」における「**最後の1ピース**」（the “last piece of the puzzle”）

なのである。

我々はこの「最後の1ピース」を与える方法として、**新しい摂動論的手法**を構築し、

それを新しいプログラムパッケージ、

LASTPIECE(P) (local-alignment state probabilities
that insertion-type and deletion-type gaps co-exist(, Perl version))、
に実装した。

そして、その計算結果を「**真の (genuine) 」**配列進化シミュレーション

で得られた（祖先－子孫）PWAs の中のケース4区間の頻度と比べてみると、

摂動の3次の項まででもかなり良い一致が見られ、

この手法がうまくいく事が示唆された。

[

なお、この **LASTPIECE(P)** の出力を **ANEX(P)** の入力として使うことにより、

ANEX で計算される **MSA の出現確率**（の挿入／欠失成分）は、

単なる挿入／欠失の**最節約的な歴史**だけからの寄与の和から、

（**最節約的な祖先配列セット各々に無矛盾な**）挿入／欠失の**歴史の（ほぼ）全て**からの寄与の総和に「昇格」し、

その**正確さは劇的に向上**することとなる。

]

30、では、ANEXの一連のプロセスのうち、
入力MSA をスキャンして**誤りの候補を検出**するプロセスに使われている
手法を記述している。

27、では「位置変化写像」(position-shift map)が提案され、
復元された MSA の誤りを 1 (塩基またはアミノ酸) 残基レベルの精度で調べるのに使われたが、
これは真の (true) MSA に依存するのでシミュレーション研究以外では使えない。
そこで、ここではその「代役」として、

「**置換的残基差写像**」(substitutional residue-difference map, 略して“**SRD Map**”)を提案する；
これは、祖先配列 (のギャップ状態) も加える様に拡張した「拡張 MSA」に
尤度計算の方法を変更して残基配置から計算した**置換的残基差 (SRD)** を写像したものである。
単純に考えると、SRDは**並べ間違い (mis-alignments)** に接している時はそうでない時より大きくなる
ことが期待できるが、

我々がシミュレーションで生成した配列の復元 MSAs の中の SRDs を実際に調べてみると、
確かに並べ間違い (mis-alignments) に接している SRDs の平均は
接していない SRDs の平均よりも有意に大きかった。

そこで、我々は

SRDs に関する **sliding-window 解析**を行って**並べ間違いの候補**を復元した MSA から**探し出すツール**
を (Perl で) 作成し、かなりの精度で並べ間違いを検出できることを示した。

これらと多少関連して、我々は

ギャップの配置だけを用いて「**複雑な**」**誤り**を検出しようとするツールを (Perl で) 作成し、
ある程度は機能することを示した。

これらの結果から、

SRD Mapとギャップ配置を**組み合わせれば**、さらに精度高く並べ間違いの位置を**突き止めることが**、
更にひょっとしたら特徴付けることも、可能になるだろうと示唆される。

その様な組み合わせは豊かな情報を含むので、

機械学習、とりわけ人工知能 (**AI**) の**ディープラーニング**の力に
頼る必要が生じるだろう。

一方で、位置変化写像とSRD Mapを組み合わせたシミュレーション解析により、
さらに詳細に並べ間違いを特徴付ければ
それはきっと将来もっと正確な並べ間違いの位置突き止めに役立つだろう。

この研究で**開発されたツール**はプログラムパッケージ、**ANEX(LP)**、
補助スクリプトやモジュールとして提供されている

(URL: <https://www.bioinformatics.org/ftp/pub/anex/>)。

これら一連の研究 (**28**、**29**、**30**、) から、
機械学習、特に人工知能 (**AI**) の助けを借りれば、

「**真の (genuine)**」配列進化モデルの下での**MSAs の確率分布のかなり正確な計算**
が実用的となり、

それに基づく「**正直な (truthful)**」**相同配列解析**がありふれたものとなる

「明るい」未来が待っている、、、かも知れない、という期待が持たれる。

補遺K：やっておきたかった事

本当は、できる事ならやっておきたかった事が幾つかある。
しかしながら、あまり欲張り過ぎても仕方がない。
人生、有限なのだから、できる事だって限られているのである。

私は、「やり残した」感は多少あるものの、
それ以上に「達成感」「自己実現感」を感じている。

ここでは、誰かが私の思いを引き継いでくれる事を期待して、
研究に関することだけ記述しておく。

[
例えば、十年以上前に買って、封も切らずにそのままになっている
「赤い疑惑」や「日本沈没」のDVD Boxを見る事なども
やっておきたかった事ではあるが、そういう「俗な願望」はここでは述べない。
]

【警告!!】私は、最近の動向をほとんどフォローせずに自分勝手な考えを述べるので、
もしも実践しようと思われた際は、剽窃（plagiarism）に当たらないかどうか、チェックされた方が良いかも知れない。
[ANEX 関連に関しては、「大丈夫だ」という自信は100%近くあるが、それ以外についてはあまりない（せいぜい50%）。]

<< 本当はやる予定だったが「時間切れ」のためできなかった事 >>

< ANEX プロジェクトの「論文」D >

“Event.rtf”でも書いた様に、この「論文」Dでは、頭の中では構想があるが、
まだ具体的にプログラム（あるいはサブルーチン）として実装していないアイディアについて
（数式も使って）記述するつもりだった。ここでそれらアイディアの概要を述べる。
（一部（簡単な）数式あり。）
後進が、ANEX 又はそれに類似の手法を更に発展させる際の助けになれば幸いである。

(i) ANEX 主要サブルーチン（複数ギャップ・ブロックの同時シフトの網羅的実行）のギャップ・ブロックをもっと積極的に用いた書き換え

今のバージョン（ver. 0.7.1）では、この主要サブルーチンは、各代替 MSA にただその出現確率の置換成分および挿入／欠失成分を結びつけているだけであり、時間短縮の為、出現確率の挿入／欠失成分の計算は、ギャップ・ブロック配位のトポロジーが変化した場合にのみ、基本的に LOLIPOG（“list_of_papers.rtf”の論文 no. 25）と同じ方法で、一から計算する。

この方法の利点は誰にも分かり易い（従って、最初の（教育的）バージョンとしては適している）事であるが、

このままだと、実際に系統的な配列解析をして、例えばある祖先配列からある現存配列に至る（挿入／欠失が関わる）変化を調べる時には、

（トポロジーの変化の有無に関わらず）全ての（無視できない）代替 MSAs に関して（可能な）祖先配列状態（の確率分布）を求めなければならないので、

非常に時間がかかってしまうリスクがある。

このリスクを避ける（あるいは軽減する）一つの方法として、

ギャップ・ブロックを先ず互いに干渉し合うものから成るグループに分け、

各グループに関してそのメンバーであるギャップ・ブロックの有無のパターンによってMSAを水平に分割し、

その分割されたMSAの区間毎に可能な祖先配列状態を割り振っておき、

そういう（分割区間に結びついた）祖先配列状態を（水平に）連結してできたMSA全体の祖先配列状態（の全内部ノードにわたる集合）にその出現確率の挿入／欠失成分を割り振る、

という方法がある。

（言葉で説明すると一見複雑だが、実際は（少なくとも図解すれば）そんなに難しくない筈である。）

この分割区間に結びついた祖先状態の集合と出現確率の結びつきをスタックの各層で保持しておけば、

各ギャップ・ブロックの（単一サイト）シフト毎の出現確率（挿入／欠失成分）の増分の計算は、

置換成分の場合と同様に速くできる筈である。

そして、この方法の利点は、（可能な）祖先配列状態（の集合）とそれに結びついた確率も（各層に保持されて）ついて来る（そして更新される）ことである。

（注1：実際には、（少しだけ書き換えれば）今のバージョンでも（MSA全体の出現確率に）ついて来る様にはできるのだが、所要時間がかかる事は変わらない。）

（注2：置換成分に関しても、MSAの各列の（一、二個の標的ノードにおける）祖先状態とその出現確率の結びつきを（各層

ごとに) 保持しておいて(各シフトごとに) 更新すれば、残基の「進化解析」が速く実行できる(筈である。)

[
また、私の見積もりでは、この方法は最節約に次ぐ(next-to-parsimonious) 祖先状態セットからの寄与も含める様に
MSA 確率の計算手法を拡張した後でも機能する筈である。
]

実は、この、祖先配列状態とギャップ・ブロック配位の結びつきを保持した方法は、最初のバージョンから実装する予定だったのだが、

これまでに実装してきた方法とかなり異なる為、テスト&デバッグに多大な時間を要するリスクがあった為に、
現在実装されている方法にスイッチした、という経緯があった。
(つまり、実際の配列進化解析への適用しやすさよりも、「取り敢えず完成させる」ことを優先した訳である。)

(ii) (配列に沿った) 領域毎の 挿入/欠失速度 (rate) の変動を許容しつつもほぼ完全に「因数分解」可能な(近似的な) 配列進化モデル

"list_of_papers.rtf" の論文 no. 24 の節 R8 では、様々な「因数分解」可能な配列進化モデル(挿入/欠失成分) が論じられているが、

特に、小節 R8-3 では、領域ごとに異なる挿入/欠失速度を有しつつも「部分的に」「因数分解」可能なモデルを提案した。

このモデルの特徴は、速度の変化する挿入/欠失(特に欠失) が各領域に「閉じ込められている」、つまり各領域の左端サイトと右端サイトによって「境界」が設定されている事である。

この状況は、小節 R8-2 の「生物学的に必須なサイト/領域によって両側を挟まれた(空間一様)モデル」のそれと似ている。

それ故に、「因数分解」も「部分的に」しか可能でなくなっている。

このかなり「ぎこちない」状況を脱するには、小節 R8-2 ではなく、末注16 で論じている様な、「片側だけが生物学的に必須なサイト/領域によって境界確定されているモデル」を利用する。(末注16 でも言及している様に) このモデルは(完全に)「因数分解」可能である。

さて、「生物学的に必須な」のくだりは無視して、取り敢えず、(祖先配列上の) ある特定のサイトより左側は「立ち入り禁止」のモデルを考えると、それはモデル的には末注16 で論じているモデルと同等であり、(完全に)「因数分解」可能である。

次に、その様な、「立ち入り禁止」の境界となるサイトが異なるモデルを複数個考え、その「重ね合わせ」を考えると、
(ある境界サイトが欠失で失われた時に、欠失で失われた部分配列の左隣のサイトを新たな境界とする、というルールを加えさえすれば)

それも(完全に)「因数分解」可能な筈である。

この「重ね合わせモデル」は、次の様に定義することも可能である：

- (1) まず、(ルートにある) 祖先配列の各サイトを幾つかの領域に分割し、各領域にクラスを一つ割り当てる；
 - (2) ある領域に新たに挿入されたサイトもその領域に属するとみなす(もし2つの領域の境界に挿入された場合は、右側の領域に属させる)；
 - (3) 挿入の速度を、挿入された場所のすぐ右側のサイトのクラスと挿入された部分配列の長さに依存させる；
 - (4) 欠失の速度を、欠失された左端のサイトのクラスと欠失された部分配列の長さに依存させる。
- これにより、(論文 no. 24 で導出した)「因数分解」可能条件、とりわけ退出速度(exit rate) の増分の周囲非依存性、が満たされるので、このモデルは(完全に)「因数分解」可能となる。
(ちなみに、当然ながら、欠失速度を左端の代わりに右端に依存させることも可能である。)

生物学的には、欠失したサイト全部、即ち欠失した部分配列の両端、で速度を指定する方が恐らく自然だと思われるが、

この「重ね合わせモデル」は、その様な生物学的現実味と(完全「因数分解」可能という)扱い易さの絶妙な折衷を提供していると言える。

(注：実際には、その周囲にも依存するのが自然だと思うが、そうすると最初の「因数分解」可能条件も満たさないので致し方ない。)

(iii) 一つ(あるいは二、三個の) 長い挿入/欠失が含まれているギャップあり区間(gapped segment)における、同じ数の挿入/欠失から成る歴史(複数)(histories)の確率を速く計算する助けになる近似法

そもそも挿入/欠失は「稀な事象」で、かなり長い枝でもない限りは、(長さ10サイト以下の)「普通の」挿入/欠失が重なることはそうない。

しかし、一旦長い挿入/欠失が起ってしまうと、事情は変わって来る。

今、LASTPIECE("list_of_papers.rtf" の論文 no. 28)により、(長い挿入/欠失と)同じ枝に起きて重なる挿入/欠失(の寄与)に関しては、

かなりの精度で組み入れることが出来る。

従って問題は、違う枝、とりわけ隣り合った(つまり、一つのノードを共有した)枝、に起きて水平に重なる挿入/欠失(の

寄与)をどう扱うか？

である。

(良く使われる)二分木を扱っている場合、一つの枝には最大4本の隣り合った枝があり得るが、実は、それらすべてが問題な訳ではない。

それが挿入であれ欠失であれ、長い挿入／欠失が起きた枝では、長い部分配列と長いギャップが(縦に)並んだ状況が生じるが、

ギャップ側で隣り合った枝で起きた挿入／欠失は(重なっていたとしても)せいぜい一事象／枝なので、

("list_of_papers.rtf" の論文 no. 25 で開発した) 従来の方法でもさほど問題はあるまい。

(注：その気になれば、これらも、以下に述べるのと同様だが別個の方法で扱うことはできる。)

従って、問題は、(長いギャップと並んだ)部分配列側の隣り合った枝に起きた挿入／欠失である。

以下、議論をわかりやすくする為に、ある枝(「b1」と呼ぼう)で長い部分配列(「A」と呼ぼう)が挿入された場合を考える。

(もちろん、欠失の起きた場合に議論は修正／拡張できる(がここでは扱わない)。)

この場合、その部分配列側で隣り合った2つの枝はその枝(b1)の「子供」となる(「b2」「b3」と呼ぼう)。

今、一方の小枝(例えばb2)で、部分配列Aの(比較的短い)部分配列(「B」と呼ぼう)が欠失したとする。

このギャップ配位を最節約的に説明する歴史(祖先配列のセット)の一つは、(実際に起きた)

「b1でのAの挿入 & b2でのBの欠失」

であるが、もう一つ、(実際には起きてないが、)

「b1でのA/Bの挿入 & b3でのBの挿入」

という歴史(祖先配列のセット)でも説明できる。(注1:「A/B」は、AからBが欠失してできた部分配列。)

(注2:各枝での「挿入」／「欠失」は、必ずしも単一事象である必要はなく、複数事象を合わせた結果も含まれていると考える。)

逆に、枝b2で、部分配列Aの中のいずれか(「s」としよう)に(比較的短い)部分配列(「C」と呼ぼう)が挿入した場合、

このギャップ配位を最節約的に説明する歴史(祖先配列のセット)の一つは、(実際に起きた)

「b1でのAの挿入 & b2でのCの挿入」

であるが、もう一つ、(実際には起きてないが、)

「b1でのA(s)+Cの挿入 & b3でのCの欠失」

という歴史(祖先配列のセット)でも説明できる。(注3:「A(s)+C」は、AのsにCが挿入してできた部分配列。)

従って、例えば、子枝b2 & b3で合わせて10箇所(Aに重なる)挿入／欠失が起きたとすると、従来のやり方では、(最節約的なものに限ったとしても、)2の10乗、即ち約千通りの代替歴史(祖先配列のセット)を扱う必要が生じ、とてつもない時間(およびメモリー)を消費することとなる。

(注4:これまででは、その様なケースは予め解析から除外していた。)

この「計算的重荷」を著しく軽減する策として、ここに、**近似的な「和の因数分解」**を提案する。

これは、(上記の例では)子枝b2 & b3に沿ってAの各サイトに(実際に)起きた(Aに重なる)挿入／欠失、およびその「裏解釈」としての

対となる子枝での欠失／挿入、の寄与の和を一塊りとして、親枝b1の挿入だけが起きた「参照歴史」の寄与から

「くり出し」(factor out し)、**全ての代替歴史(祖先配列のセット)からの寄与の和を、**

「参照歴史」からの寄与と(Aの)各々のサイトにおける「くり出された」因子すべてとの積、

で近似するものである。以下、もう少し具体的に(数式を使って)説明する。

「参照歴史」の選び方は一通りではないが、現時点では私は、

子枝b2 & b3で起きた(Aに重なる)すべての事象が挿入だったと解釈した時の

Aに相当する部分配列(「A0」と呼ぼう)の挿入のみが起こった歴史、

とするのが一番良い様な気がしている。

この「参照歴史」が与える寄与(P[ref]と記す)は以下の様に表現できる：

$$P[\text{ref}] = \exp(-(|b2| + |b3|) \times \text{DR}[A0]) \times m_P[A0 \text{ の挿入}; b1] \quad \text{--- Eq.(1)}$$

ここで、DR[A0]は、A0の挿入による退出速度の増分、(例えば)|b2|は枝b2の長さ、

そしてm_P[A0の挿入;b1]は、枝b1でのA0の挿入がもたらす乗法因子である。

(注5:論文では退出速度の増分は $\Delta R_X^{(ID)}$ で表していたが、ここでは単にDRで代用する。)

(注6:論文では乗法因子は μ_P としているが、ここではm_Pで代用する。)

次に、この「参照歴史」に加え、枝b2に沿ってサイトs1で部分配列C1が挿入した歴史を考える。

この歴史 $[(A0 \text{ の挿入 ; } b1) + (C1 \text{ の挿入 (@s1); } b2)]$ とでも記す) の寄与は以下の様になる :

$$P1 = P [(A0 \text{ の挿入 ; } b1) + (C1 \text{ の挿入 (@s1); } b2)] \\ = \exp (-(|b2| + |b3|) \times DR[A0]) \times m_P [A0 \text{ の挿入 ; } b1] \times m_P [C1 \text{ の挿入 ; } b2]。 \quad \text{--- Eq.(2)}$$

ここで、簡単のため、挿入／欠失速度は (少なくとも考えている領域内では) 一様 (サイトに依存しない) としている。
この「裏解釈」は、 $[(A0 (s1) + C1 \text{ の挿入 ; } b1) + (C1 \text{ の欠失; } b3)]$ となり、その寄与は以下の様になる :

$$P2 = P [(A0 (s1) + C1 \text{ の挿入 ; } b1) + (C1 \text{ の欠失; } b3)] \\ = \exp (-(|b2| + |b3|) \times (DR[A0] + DR[C1])) \times m_P [A0 (s1) + C1 \text{ の挿入 ; } b1] \times m_P [C1 \text{ の欠失; } b3]。 \quad \text{--- Eq.(3)}$$

この2つの寄与の和、 $P1 + P2$ 、から $P[\text{ref}]$ をくくり出すと、以下の様になる :

$$P1 + P2 = P[\text{ref}] \times m_P(s1)、 \quad \text{--- Eq.(4a)}$$

ここで、(サイト $s1$ での) 「和の乗法因子」、 $m_P(s1)$ 、は、

$$m_P(s1) = m_P [C1 \text{ の挿入 ; } b2] \\ + \exp (-(|b2| + |b3|) \times DR[C1]) \times m_P [C1 \text{ の欠失; } b3] \times \{m_P [A0 (s1) + C1 \text{ の挿入 ; } b1] / m_P [A0 \text{ の挿入 ; } b1]\}。 \quad \text{--- Eq.(4b)}$$

挿入が枝 $b3$ に沿って起きた (と解釈できる) 場合も、同様に計算でき、「和の乗法因子」は大体 Eq.(4b) の様になるが、この場合、引数の $b2$ と $b3$ が入れ替わる。

そして、サイト $s1, s2, \dots$ で挿入／欠失が見られた時に、その全ての (最節約的な) 祖先配列状態セットからの寄与の総和を :

$$\text{【全ての (最節約的な) 祖先配列状態セットからの寄与の総和】} = P[\text{ref}] \times m_P(s1) \times m_P(s2) \times \dots \quad \text{--- Eq.(5)}$$

と近似してしまおう、というのが、ここでの提案である。

この Eq.(5) による近似がどれくらい良いか? は、両辺を展開して同じ指数因子、および同じ $m_P [xx \text{ の挿入 / 欠失 ; } b2/b3]$ の積が掛かった項を比較すれば明らかな様に、

$$\{m_P [A0 (s1) + C1 (s2) + C2 \text{ の挿入 ; } b1] / m_P [A0 \text{ の挿入 ; } b1]\} \\ = (\text{近似}) = \{m_P [A0 (s1) + C1 \text{ の挿入 ; } b1] / m_P [A0 \text{ の挿入 ; } b1]\} \times \{m_P [A0 (s2) + C2 \text{ の挿入 ; } b1] / m_P [A0 \text{ の挿入 ; } b1]\} \quad \text{--- Eq.(6)}$$

という様な近似 (およびその3部分配列以上への拡張) がどれくらい良いか? に依存する。

この Eq.(6) およびその拡張は、もしも $m_P [Ax \text{ の挿入 ; } b1]$ が Ax の長さの幾何分布 (あるいは指数関数) (x 定数) だったら厳密に成立するが、

そうでなくとも、 $m_P [Ax \text{ の挿入 ; } b1]$ が Ax の長さの緩やかな減少関数だったら、
挿入 (あるいは欠失) される部分配列 (の総和) が「参照部分配列」 $A0$ よりも十分に短い場合
(例えば、 $\{C1 + C2 + \dots \text{ の長さ} \} / \{A0 \text{ の長さ} \} < 0.1$) には、かなり良く成立する。

例えば、数々の配列データ解析の結果は、挿入／欠失の長さ分布はベキ乗則 (指数 = -1 ~ -2) に従うことを示唆するが、挿入／欠失の瞬間速度が長さのベキ乗則 (指数 = -1 ~ -2) に従う真の (genuine) 配列進化モデルでは、 $m_P [Ax \text{ の挿入 ; } b1]$ の「厳密解」も Ax の長さのベキ乗に近い振る舞いをする (指数も上記とほぼ同じ)

("list_of_papers.rtf" の論文 no. 25)。

今、 $A0$ の長さを $L0$ 、 Ck ($k = 1, 2, \dots$) の長さを Lk 、と記し、 $m_P [Ax \text{ の挿入 ; } b1]$ のベキ乗則の指数を $-G$ と記すと、Eq. (6) は、

$$[1 + (L1 + L2)/L0]^{-G} = (\text{近似}) = [1 + L1/L0]^{-G} \times [1 + L2/L0]^{-G} \\ = [1 + (L1 + L2)/L0 + (L1/L0) \times (L2/L0)]^{-G} \quad \text{--- Eq.(6')}$$

となる。これは、余計な項、 $(L1/L0) \times (L2/L0)$ が1 (もっと正確には、 $1 + (L1 + L2)/L0$) よりも十分小さい場合には、良い近似である。

従って、挿入／欠失の瞬間速度が長さのベキ乗則に従うモデルでは、Eq.(5) による近似式は、

($b2$ & $b3$ で挿入／欠失される部分配列の各々が「参照部分配列」よりも十分短い場合は) かなり良い近似を与えると言える。

< ANEX プロジェクトの総説／解説書（一般、遺伝学者、生命情報学者向け） >

これは、ANEX プロジェクトの成果&産物

（2つのプログラムパッケージ、ANEX & LASTPIECE、および“list_of_papers.rtf”の論文 no.28, 29, 30）

をもっと普及させる為に、また、

2017 年の **Holmes 博士の論評**（commentary）（BMC Bioinformatics. 18:255）に対する「**完全な反論**」として、是非とも執筆しておきたかったのだが、残念ながら時間切れとなってしまった。

総説と解説書は、どちらも論文（“list_of_papers.rtf”の論文 no. 24 から 30 まで）に関して説明する、という点では一緒だが、**総説**では、できるだけ式を使わずにその背景（&動機）および成果や意義を概説するのを主目的とするのに対し、**解説書**では、むしろ、（とりわけ重要な）式を、図解などを交えて、わかりやすく説明するのが主な目的である。

そういう意味では、“Events.rtf”の最後の方の部分（「[**ANEX 開発再開**]」（大体 2018/09/15 辺りから）」以降）は既に、**総説**の目的のかなりの部分をカバーしているとも言える。

（これに“short_descriptions_of_papers.rtf”の、論文 no. 24 から 30 までの部分（およびその周辺）を加えれば、ほとんど総説になっている、とも言える。）

Holmes 博士の論評に対する「完全な反論」として考えていたのは、次の2つであった。

（1）「（標準）HMM が今や様々な配列解析に幅広く応用されている、」と言うのは確かに事実かもしれないが、結局、（標準）HMM では真の（genuine）配列進化モデルの結果、特徴を十分に表わせないので、その結果は「嘘」を言っている訳であり、それを平然と広めているのは「詐欺」に近い行為だ！と言う事実の提示（単なる非難ではない）。

[
天文学の例を用いて例えるならば、**HMM** は中世に用いられていた「**天動説**」の様なものであり、
真の（genuine）配列進化モデルは、Copernicus の提唱した「**地動説**」の様なものである。
そして、私の論文（no. 24 & 25）を不当に貶めた Holmes 博士の論評の掲載の前後の BMC や「HMM 学派」その他の振る舞いは、
あたかも、（「地動説」の擁護者である）**Galileo Galilei に対して行われた宗教裁判**の様なものである。
（この宗教裁判のせいで、天文学の発展は1世紀近く遅れた。）
]

（2）私の手法では（今の主要プログラム（とりわけ“lastpiece.alpha.pl”）をちょっと書き換えれば）、挿入／欠失の瞬間速度として（ベキ乗則のみならず）どんな長さ依存性も簡単に組み入れられる。その例として、(a) ベキ乗則＋SINE 挿入；(b) 直列反復配列（マイクロサテライト等）のコピー数変化、等を使って有限時間遷移確率の「厳密解」がどの様に振る舞うかを示そうと思った。
これら（とりわけ(a)）を私の手法（あるいは真の（genuine）配列進化モデル）で扱うには、ただ、挿入／欠失の瞬間速度（の長さ依存性）を入力すればいいだけであり、誰でも簡単にできる。
これらを（標準）HMM で扱うのは、（仮に不可能ではないとしても、）かなり複雑な手続きを要する筈（従って、かなり高度な専門家以外、ほぼ不可能）である。

一方、**解説書**は、図解などが必要となる為、少なくともあと数ヶ月は要するので、もはや執筆不可能となってしまった。期待しておられた多数（？）の方々には、まことに申し訳なかった。

誰かが（私に）代って執筆して頂けたら大変有り難いのだが、私の様に、（数式を用いた）論理的な理解と（イメージなどを用いた）直感的な理解を両立させている人間はこの世にあまり多くなさそうなのが、懸念材料ではあるが、、、論理的に理解できる人物と直感的に理解できる人物がタッグを組めば、あるいは可能かも知れない。

< ANEX プロジェクトの総説（理論物理学者向け） >

これは、上記の（一般、遺伝学者、生命情報学者向け）とは、少し趣を異にする。

私は、ANEX を、特にゲノム配列並べの問題にも適用できる様に、拡張&発展させる為には（元）素粒子論研究者を含む（元）理論物理学者の力を借りられるかどうかがかギとなる、と考えている。

そこで、そんな人たち向けに、ANEX（あるいはもっと広くゲノム配列進化およびゲノム配列並べの問題）を、彼（女）たちにとってできる限り魅力的に、知らせる（あるいは「宣伝」する）為の総説を書いて、彼（女）たちのこの問題（あるいは分野）への参入を促せないか、と長い間考えていた。

一つのアイデアとして、

ゲノム配列の、特に挿入／欠失、および重複、逆位、転座

（あるいはもっと一般に異所的組み替え（ectopic recombination））等による進化

（例えば：“list_of_papers.rtf”の論文 no. 26；Lupski 2007. Nat Genet. 39:S43-S47；

Gu, Zhang, Lupski 2008. Pathogenetics 1:4；

Gascuel (ed.) 2005. “Mathematics of Evolution and Phylogeny.” (Oxford Univ. Press. New York, NY) 等を参照)

と

超弦理論における弦の時間発展（いわゆる「世界面」の形成）との類似性に着目して総説を書く、
という目論見（もくろみ）があった。

（もちろん、実用的な理論発展させる為には、両者の「違い」、

例えば、超弦理論の「弦」(string) は、バイオリンの弦の様に振動する物体（？）だが、

ゲノム進化で言うところの“string”は「文字列」を意味し、4種類の塩基の一次元的連なりのことである等、

もはっきり記述しておく必要はある。

これで、利用できる技術とそうでないものとをふるい分けることが容易になる。）

[

実は、タイトルと概要（Abstract）の一部までは考えてあった：

A New “String Theory” to Describe Genome Evolution

（和訳：ゲノム進化を記述する新しい「ストリング理論」）

For the recent half a century, the superstring theory has been touted as “the theory of everything”, has been expected to decipher the “secrets” of the origin and evolution of the universe, and has been vigorously studied by the geniuses all over the world.

Now, a new “string theory”, which describes the evolution of genome sequences, is expected to help decipher the “secrets” of the evolution of life on earth.

And its practical application has now peeked out of the horizon. …

（和訳：

最近半世紀の間、超弦理論は「すべてを説明する理論」として持て囃（はや）され、

宇宙の起源や進化の「秘密」を解き明かすと期待され、

世界中の天才たちによって精力的に研究されて来た。

今、新しい「ストリング理論」、それはゲノム配列の進化を記述するものだが、

それが地球上の生命の進化の「秘密」を解き明かすのを助けると期待されている。

そして、その実用的な応用が今、地平から顔をのぞかせ始めた。…

)

]

時間切れで書けなくなってしまったのは無念の極みである。

誰かが私に代って書いてくれると大変有難い。

<< 本当は是非やっておきたかったが「やってたら ANEX が完成しない」と思って諦めた事 >>

< ANEX 主要サブルーチン（複数ギャップ.ブロックの同時シフトの網羅的実行）のギャップ.ブロックをもっと積極的に用いた書き換え >

この内容については、上記、< ANEX プロジェクトの「論文」D > の (i) で、既に述べている。

これは、ANEX を実際の配列進化解析に適用しやすくする為には必要不可欠な改良である。

誰か、意欲ある「後進」が成し遂げてくれることを祈る。

< 復元 MSA と真の (true) MSA のギャップ.ブロック配位を比較して

2者を隔てる基本的動きの組み合わせ（又は連続）を同定するアルゴリズム >

ここでは、できる限り“Complex errors”に分類される誤りあり区間（erroneous segments）を減らすことが目的としてある。

これの「試作品」は、パッケージ、CompLiMment (“list_of_papers.rtf” no. 27 の付録) の

“Sample_Scripts/”にある“classify_msa_errors_via_mblks.alpha2.pl”

という Perl スクリプトだが、非常に「場当たりの」だ、と不評であった。
(それに、"position-shift blocks" (位置移動ブロック) の境界の決め方のアルゴリズムに難があり、いまいち正確さを欠いた。)

"list_of_papers.rtf" no. 27 の査読者の助言にもあったのだが、
2つの MSAs のギャップ.ブロック配位をもっと直接的に比較するのも一つの手かも知れない。

例えば、次の様な (反復的 (iterative) な) 一連の手法がうまくいくかも知れない。

2つの MSAs におけるギャップ.ブロックのリストを比較し、

- (1) まず、同じ枝が境界を定め、その枝の同じ側にギャップがあり、同じサイズを持つギャップ.ブロックが
両方の MSAs にあった場合、それらを (シフトのみを介して) 「等価」と見なし、お互いに結びつける。
(もしも各々の MSA 中に「等価な」ブロックがあった場合、位置の近いもの同士を結びつける。)

そして、リストの残りに対し、

- (2) 両方の MSAs に同じ枝が境界を定め、その枝の同じ側にギャップがある (しかしサイズが異なる) ギャップ.ブロックがあるかどうか調べ、あった場合は、
 - (i) 一方の MSA の当該ギャップ.ブロック (複数) のサイズの和が、他方の MSA の当該ギャップ.ブロック一つのサイズに一致するか、

さもなければ、

- (ii) 一方の MSA の当該ギャップ.ブロック (複数) のサイズの和が、他方の MSA の当該ギャップ.ブロック (複数) のサイズの和

に一致するか、さもなければ、

- (iii) どちらか一方の MSA に、同じ枝が境界を定めるが、その枝の反対側にギャップがある、
いわゆる「(縦に) 相補的な」ギャップ.ブロックがあって、その MSA における当該ギャップ.ブロックのサイズから
その「相補的」ギャップ.ブロックのサイズを引いた差が、他方の MSA における当該ギャップ.ブロックのサイズに一致するか、

さもなければ、

- (iv) 両方の MSAs に「相補的な」ギャップ.ブロックがあって、
一方の MSA における当該ギャップ.ブロックのサイズから「相補的」ギャップ.ブロックのサイズを引いた差が、
もう一方の MSA における同様な差と一致するか、

、、、

を調べ、もし一致が見られたら、それら条件を満たしたギャップ.ブロックの集合のペアを
(横の「融合」「分裂」またはその組み合わせを介して) 「等価」とみなし、お互いに結びつける。

更に、リストの残りに対し、

- (3) (2) と幾分似た様な比較により、今度は (縦の「融合」「分裂」またはその組み合わせを介して) 「等価」な
ギャップ.ブロックの集合のペアを同定し、お互いに結びつける。

更に、リストの残りに対し、

- (4) どちらかの MSA に「対消滅」(purge) 可能な、「(縦に) 相補的な」サイズの同じギャップ.ブロックの対があるか調べ、
あったら、それらは「対消滅」候補として登録する。

更に、リストの残りに対し、

- (5) 両方の MSAs のギャップ.ブロックの集合が似ても似つかない場合、
「独立した挿入の潰れ」(collapse of independent insertions, CII)、あるいは「逆 CII」の可能性を探り、
もし部分的にも当てはまりそうだったら、当てはまる部分のギャップ.ブロックの集合のペアを
(「CII」または「逆 CII」を介して) 「等価」と見なし、お互いに結びつける。

- (6) まだリストの残りがあつたら、その残りに対し、再び (1) からやり直す。

(反復回数がある上限を超えてもまだ残りの場合は、諦めて「強制終了」する。)

この際に、「位置変化写像」(position-shift map) ("list_of_papers.rtf" の論文 no. 27) もしくは、
「配列並び剪断写像」(alignment-shear map) ("list_of_papers.rtf" の論文 no. 30) 等をうまく利用すると、
対応するギャップ.ブロック (の集合) のペアを同定しやすいかも知れない。

[

あるいは、別の可能性としては、

(取り敢えず上記 (1) から (6) を 2 回くらいやってみて、まだ残りがあつたら、)

両方の MSAs のギャップ.ブロック間に部分的な類似性でもあつたら積極的に利用して、

どんどん基本的動きを適用していつて一方から他方へ少しづつ近づける、という方法もあるかも知れない。

]

いずれにせよ、この類のアルゴリズムによって、これまで「complex errors」と判定されていた誤りが（一連の）基本的動きの組み合わせに「解きほぐす」ことが出来れば、（手動にせよ、AI の助けを借りるにせよ）ANEX で試してみる基本的動きの組み合わせのセットを決める際のヒントとなろう。

<< その他、時間があつたらやってみたかった事（ANEX 関連） >>

< MSA の各ギャップあり区間を縦に（即ち系統的に）細分割して取り扱える様な、ANEX の拡張 >

ANEX の現在のバージョンでは、その作業単位であるウィンドウは一つもしくは複数のギャップあり区間（gapped segment(s)）から成っているが、長いギャップが関わっている場合や、たくさんの（例えば100を超える）配列から成る MSA の場合は、一つのギャップあり区間がしばしば沢山のギャップを含んでおり、解析から除外せざるを得なくなる。

この問題を軽減する一つの方法としては、

各ギャップあり区間を、系統樹を利用して、お互いに「ほぼ独立な」ブロックに（主に）縦に細分割する、
という方法がある。

実は、ANEX の開発段階の前半くらいまでは、この様なやり方で開発を進めていたのであるが、ちょっとあまりにも構造（architecture）が複雑になりすぎて、読者／使用者（や後に開発を担う「後進」達）が付いて来れない恐れを感じたので、現在の比較的単純な構造（architecture）にスイッチした、という経緯がある。

この細分割に関連する理論は（まだ不完全だが）"list_of_papers.rtf" の論文 no. 29 の Appendix K.3 に記述があり、また、関連するアルゴリズムの実装やサブルーチンは（これもまだ不完全だが）、パッケージ、ANEX(_P)、のディレクトリ、“MyPerlModules_ANEX/”、にある Perl モジュール、“MyTreeMap_indels_spt_odr_finer.pm” および “MyTreeMap_indels_ML_hs_finer.pm”、の中にある。

[注意：これらの Perl モジュールは、途中で開発を止めている為、最新の機能（例えば LASTPIECE の出力を最大限に利用する機能等）が備わっていない。]

もしもこの（かなり複雑な）問題に取り組もうという殊勝な後進がいたら、上記資源（理論および Perl モジュール）が役に立つものと思われる。

しかしながら、ANEX は統計的 MSA を（近似的に）実行するソフトであり、そもそも統計的 MSA でそんなに沢山の配列を並べる事にそれ程ご利益があるのかどうか疑問な部分もある（それに、並べる配列の数を増やすと（大方の予想に反して）誤りが増える、という結果もある（L"ojtytnoja, Goldman. 2008. Science 320:1632-1635））ので、まずは、取り組もうとしている問題に本当に必要な配列だけを用いる様に心がけるのが大切なのかも知れない。

< 遺伝子の始めからの生成（創造）（de novo creation）に挿入／欠失が関与する度合いの調査 >

これは、ANEX が「完成」した暁に、最初にやろうと思っていた「応用問題」である。

まず背景として、分子進化学者の多くは、新しい遺伝子は既存の遺伝子が重複してそれに変異が積もることにより生じると信じているが、中には、遺伝子重複を介さずに、いわば「始めから（de novo）」新たな遺伝子が生成（create）するケースが相当数あると思っている人々もいる。数年前に、出芽酵母のゲノム規模な実験&解析でこの様な遺伝子の始めからの生成（創造）（de novo creation）を調べた論文が Nature に載り（Carvunis et al. 2012. Nature 487:370-374）、改めて遺伝子の de novo creation の重要性を主張した。

これがどこまで本当なのか？は疑問の残るところではあるが、私の様に実験が出来ない者には検証するのは大変難しいので、取り敢えず「彼らの主張が正かった」と仮定した上で、その、**遺伝子の de novo creation （と解釈できる事象）にどのくらい挿入／欠失が絡んでいるか？をゲノム規模解析で見積もってみよう、**というのが、この研究の趣旨である。この手の配列進化解析では、「**祖先配列状態**」を推定することが（ほぼ）必須なので、

そのために **MSA** を復元することが必要なのだが、復元 MSA には当然のごとく誤りが含まれているので、その影響を軽減する（あるいは見積もる）為に、**ANEX** を用いることとなる。

上記 Carvunis らのもう一つの主張は、

遺伝子の de novo creation は遺伝子の「死」、すなわち「偽遺伝子化」、の「鏡像」である、という見方である。

これも、「どことなくもっともらしいが、検証を要する」類の考えであると思うが、大方合っているだろうと見なすと、

「偽遺伝子化」では（特に長さが三の倍数でない）**挿入／欠失**は遺伝子コード領域の「読み枠」のズレ、そしてそれによる「読み枠」の「短縮」、を引き起こし、しばしば重要な役割を演じていることから、（仮にそれがあったとして）遺伝子の de novo creation でも（特に長さが三の倍数でない）**挿入／欠失**が、今度は遺伝子コード領域の「読み枠」の「伸長」に重要な役割を演じることが期待される。

もしもこれが実際の配列進化解析で示されれば、

これまでどちらかと言うと、しばしば有害な「厄介者」と捉えられてきた**挿入／欠失**に、（稀だとしても）「新しい機能の獲得（付与）」という**ポジティブな役割**を与えることにつながり、**挿入／欠失を研究する大切さ**を改めて主張できる。

（それに、「新しい機能の獲得」は「新しい種の出現＞発展」へも結びつき得るので、改めて、生物進化における挿入／欠失の重要性が想起されることとなる。）

こういった意味で、この研究は **ANEX** にとっては、二重の意味で「宣伝」に成り得た：

（ア）実際の配列進化解析（主に MSA の誤りの影響の軽減もしくは見積もり）に使えることをアピールする；

（イ）**挿入／欠失を研究する大切さ**を読者に訴えられれば、

そういう解析を（かなり正確に）実行可能な数少ないツールとして、ANEX の価値がさらに上がる。

[ただし、その前に、上記の＜主要サブルーチンの書き換え＞を終わらせておくことが望ましい。]

尚、この研究自体はかなり catchy な（興味を引きやすい）ので、高いインパクトファクターを望めそうだ

（注：本当は私自身はそういう俗なのは好きではないが、「宣伝」の為にはやむを得ないところもある）が、

もう一方で、幾つかの前提（de novo creation の有無の実際）や入力データの質の問題など、

「ツッコミどころ」満載なので、論文を雑誌掲載にこぎつけるまでにはかなり苦労する可能性はある。

いずれにせよ、私はもう「時間切れ」となってしまったので、この解析はできない。

誰か興味のある方にでもやってもらえたら幸いである。

（ANEX を用いなくても構わない、、、まあ、非常に難しいと思うが、、。）

< 大規模ゲノム配列解析による、挿入／欠失および重複、逆位、転座等のゲノム再編成の（規模、距離等の）頻度分布の作成 >

この研究は、私の立場からは、

ANEX、もしくはそのゲノム配列並べに適用可能な拡張版、に入力するパラメータの確定（あるいは絞り込み）

の為にしかたなかったのであるが、

これ自体だけでも非常に重要な解析である。

生物種（あるいはその clade）ごとにゲノム平均を求めるだけでも価値はあると思うが、

出来れば領域（あるいはそれを、ある性質／特徴でまとめたクラス）毎に求めて、

後に ANEX（あるいはその拡張版）を適用する際に適切なパラメータ（分布）を使える様にしておけたら、より望ましい。

（多分、そんなことを一人でやろうとしたら、また数年は費やしてしまうだろう。出来れば数人で手分け出来たらいいのだが、、。）

[ちなみに、少なくとも今のバージョンの ANEX は、かなり遅い上に「解析できる」領域を選ぶので、

このような大規模ゲノム解析には適用するのは難しい。]

しかしながら、このような解析には、常に「**結果の信用性**」の問題がつきまとう。

私が思うに、先ず大切なことは、

（特にこの様に挿入／欠失 & ゲノム再編成の解析を行う際には）質の高い入力データ、

即ち、**BAC**（細菌性人口染染色体）配列に**基づいて**組み立てられた**ゲノム配列**、を用いる事（これは必須）である。

（特に、ここで扱う挿入／欠失 & ゲノム再編成に関しては、

次世代配列決定装置（Next Generation Sequencers）では誤りが非常に多くなると予想する。）

そして、解析ツール（特にゲノム配列並べのプログラム）の選択も大切だと思う。
私は未だ、（特に大規模の挿入／欠失 or ゲノム再編成に関しては）（現存の）大局的ゲノム配列並べプログラムは信用していない
ので、
局所的ゲノム配列並べプログラムに基づく解析をすることになるか、もしくは大規模な変化は捨てるか、
どちらかになるかも知れない。

いずれにせよ、この解析は、ANEX の開発と同時に是非やっておきたかったのだが、
残念ながら、ANEX の開発だけで手一杯となってしまう、
こちらには全く手がつけられなかった。

誰か、意欲のある方には是非やって頂けたら幸甚である。

<< その他、時間があつたらやってみたかった事（ANEX 以外） >>

以下に挙げるのは、
私が（2013年4月に）総研大葉山を去る際に、（残りの研究人生で）
MSA 関連の研究（即ち ANEX 研究開発プロジェクト）に集中することに決めた為、
断念する事になった、いわば「他の選択肢」達である。

< 集団の内在的二重構造を勘案した集団遺伝学理論 >

これは、2012年9月に福岡で開催された日本遺伝学会第84回大会のワークショップでの
私の講演（WS2-3）のタイトルそのものであるが、
要は、
（多細胞生物の）**一個体**、特にその発生過程、も（一受精卵を「祖」とする）**細胞「集団」**の（時間）発展と捉えて扱うことによ
り、
（一個体を素ユニットとみなす）従来の集団遺伝学に、精度をより高めたり、新たな「視点」を追加したりする、「機会」を与え
よう、
といった事であった。

私が（当時所属していた）総研大葉山で（受け入れ教官の）印南博士とやったのは
（イ）体細胞変異（および実験誤り）の効果による理論と観測の不一致を見積もる理論構築（"list_of_papers.rtf" の論文 no.
22）；
（ロ）（億単位の精子のうち実際に卵と結びつけるのはせいぜい1個程度という、「過当競争」がもたらす）
精子発現遺伝子の進化の特異性を見積もる理論構築（"list_of_papers.rtf" の論文 no. 23）；
の二つだけであったが、
その気になれば、（個体の発生過程を細胞集団の発展と捉えるところだけを抜き出すことも含めて、）
もっと可能性を模索できた、「実入りの良い」研究プロジェクトに出来た可能性は高かった様に思う。

[ちなみに、3つ目の可能性として、（「三重構造」になってしまうが）細胞中のミトコンドリアの集団を扱う理論も考慮していた
が、
先行研究がかなりありそうだったので「撤退」した。]

[
私がこのプロジェクト（や他の集団遺伝学の研究）を断念して MSA を選んだのは、ひとえに、その「立ち位置」の違い、
つまり、MSA の方が集団遺伝学よりも「上流」に位置する（ので影響する範囲がより広い）事、による。
]

最近、印南博士や（私が遺伝研にいた時の先輩だった）太田聡史博士が、
独立に、個体の発生過程を細胞集団の発展とみなした理論について発表した様であるが、
私が（時間の関係で）既に断念した事にこうして昔の上司／同僚が取り組んでくれた事にはただただ感謝する。
（ちょっと概要を見た感じでは、印南博士の理論はエビジェネティクスの効果も取り入れている様で、特に興味深かった。）
[残念ながら、
私は（どちらについても）注意深く読んで検討する時間がなかったので、
数学的、あるいは（変位速度などの）スケールの、
どれくらいきちんと理論展開されているのかについてはコメント出来ない。]

他の方々も、よかつたら参入されて見ては如何だろうか。
（こう言うのは、（独りよがり避ける為にも、）多くの人でやって互いに議論し合うのに越したことはない。）

< 重複遺伝子の「初期状態」に関する研究 >

[注 :

このプロジェクトの提案は、2013,4 年頃に斎藤研の留学生の一人にプレゼントしたものである。
もし彼女がまだこの研究を続けているならば、彼女に「優先権」があると言すべきなのかも知れないが、
もしも彼女が既に（何らかの形で）「終わらせた」あるいは「断念した」のであれば、基本的に「早い者勝ち」だと思う。
（実際には、「考案者」である私が公表しているのだから、あまり「優先権」とか言ったところで仕方ない気もするが、、、。）
（しかし、私の案も、私が UH にいた時に学生の一人が行った解析の結果に着想を得たものである事は、断っておいた方がよからう。）

]

これは、私が遺伝研の頃から研究していた重複遺伝子の進化に関する研究である。

重複遺伝子の進化の「教科書的な」モデルでは、
その「初期状態」は、遺伝子の（コード領域および転写調節因子などを含めて）全く同一の 2 つのコピーから成り、
その「初期状態」から、
あるものはコピーの一つが「致命的な」変異をうけて「偽遺伝子化」し、
あるものは一つのコピーはほぼそのままでもう一つのコピーが変異を受けて新たな機能を獲得して「生き残り」、
またあるものはコピー双方が別々の変異を被って、互いに相補的な機能を保持し、両コピーとも「維持」される。

しかしながら、全く同一の 2 つのコピーというのは、ゲノム重複では確かにそうなるかも知れないが、
もっと小規模な、例えば染色体の一領域の重複に伴って起きた「遺伝子重複」等では、
必ずしもそうでもない（むしろ、ひょっとしたら、少数派な）のではなからうか？
という疑問が生じてもおかしくはない。

例えば、実際に、ある重複遺伝子では、（ほとんど）コード領域だけが重複し、（重複していない）1 つのプロモータ領域を共有して、
発現のタイミングがずれていたりする。
また、（これは初めから別扱いした方がよいのかも知れないが、）レトロ・トランスポジション（retro-transposition, 遺伝子の転写（& スプライシング）によって生じた mRNA が逆転写されてゲノムの別の所に組み込まれる現象）
によって生じたコード領域のコピーが機能する際にも、大抵、元遺伝子とは別のプロモータ & 転写調節因子のセットを有するので、発現パターンが最初から異なる筈である。
それに、特に高等真核生物では、タンパク質コード遺伝子は幾つかのイントロンを含んでいて非常に長く（数十～数百 Kbp の物も珍しくない）、
コード領域はしばしば部分的にしか重複されないのではないか？
その様な場合、生じる mRNA やタンパク質も元遺伝子のその部分配列（+ 余計なもの）になり、果たす機能も微妙に（あるいは著しく）異なる可能性がある。
（ただし、ほとんどの場合、重複してできた瞬間に「死んで」いる、つまり偽遺伝子である可能性もある。）

即ち、（ゲノム重複以外で生じた）**重複遺伝子のほとんどは、実は、「生まれた」その瞬間から、**
（単なる発現パターンの違いも含めて）**元の遺伝子とは「違う機能」を有するのではなからうか？**
もし本当だとすると、これは、重複遺伝子（の進化）の「教科書」を書き換える事態である；
重複遺伝子の保持の為に、新たな変異（およびそれに要する時間）が必ずしも必要なくなるのだ！！

この様な「仮説」を裏付けるかの様に、私が UH にいた時に学生の一人が行った簡単な解析では、
染色体の重複領域は遺伝子コード領域を部分的にしか含んでなかった様であった。
彼（女）が自信ありげに「重複は遺伝子の境界を尊重しない」と語っていたのが印象的であった。
（これが実際そうなのか、それとも彼（女）の解析の仕方が間違っていたのかは、よく分からない。）

上記の「仮説」が正しそうかどうかを検証する為に、ゲノム配列解析（および発現データ解析など）を行おう、
というのが、この研究である。

実際はどうかを確かめる為には、
まず、ゲノム中に見られる各遺伝子の重複コピーがどこまで広がっているかを調べる必要がある。

これは、もし信頼できるゲノム中の重複領域のリスト（もしくは「地図」）が入手可能なら、
それとゲノム中の遺伝子の「地図」を重ね合わせても良いだろうし、
もし入手出来なければ、
各遺伝子を質問（query）配列に、ゲノムをターゲットにして、相同性検索をかけても良いだろう。
いずれにせよ、相同な領域が遺伝子の境界（特にコード領域の始点と終点、およびプロモーターや重要な転写調節因子等）

を超えて続いているかどうかをきちんと調べるのが肝心である。

次に、各**重複コピー**が機能している「本当の遺伝子」か、それとも「偽遺伝子」か？を判定する。

恐らくこれが非常に難しいと思うのだが、
最も素朴な方法としては、ゲノム配列のアノテーションを信じて（鵜呑みにして）、登録された遺伝子との重なり具合によって判定する、

というもあるだろう

（この時の問題は、アノテーションで既に「コード領域の完全性」等を用いていると、判定が多少（偽遺伝子側に）偏ってしまう可能性があることである。）

し、遺伝子発現データ（cDNA や EST のセット等）等、生の機能関連データが重複コピー（の領域）に写像できるかどうか？等を調べて判定する手もあるだろう。

（この時の問題は、重複コピーの配列は（当然）元の遺伝子の配列と似ているので、「偽りの写像」が生じうる事だが、それを如何に排除できるか？がカギとなろう。）

[

あるいは、（私はよく知らないが）現在ではもっと強力な方法があるのかも知れない。

]

そして、2つの結果、即ち、「**重複領域の広がり**」と「**機能してるか否か**」との関連を表にして、
上記「仮説」は正しいのか否かを検証する。

もう一つの問題は、仮に重複コピーが途中で途切れていたとしても、それが（転座や逆位などの）ゲノム再編成による可能性がある事である。

この、一番単純な対策は、

調べる重複コピーをごく最近生じたものに限る（ことによって、ゲノム再編成の可能性を減らす）ことである。

（例えば、中立進化する塩基サイトで（元遺伝子から）0.01（置換／サイト）以下の重複コピーのみ調べる等。）

しかしながら、こうすると、調べるデータ数が著しく減ってしまう恐れもある。

その場合は、

（重複後に起きた）ゲノム再編成の地図と見比べて、重複コピーへの影響を検討するしかないだろう。

（これはかなりタフであるが、地図さえあれば出来ないことはない。）

かくして、この研究の結果により、（重複遺伝子の）「教科書」を書き換えるべきか否か？が判断される。

< 重複遺伝子（あるいは遺伝子族）の協調進化モデルと birth-death モデルを包含（もしくは内挿）する「統一的な」（経験的）進化モデルの構築 >

重複遺伝子については最近の動向をあまりフォローできていないので恐縮だが、

私が重複遺伝子について研究していた2009年頃までは、

重複遺伝子（あるいは遺伝子族）の進化については**2つの両極端なモデル**が存在し、「対立して」いた様に思われる（、、、片方が一方的に他方をライバル視していただけの気もするが、、、）。

一つが、**協調進化モデル**（concerted evolution model）で、このモデルでは、

主に、直列反復した重複遺伝子が、不等交叉や遺伝子変換等により、お互いの配列類似性を高く保ったまま進化していく。

もう一つが、**birth(-and)-death モデル**で、このモデルでは、

（遺伝子族中の）重複遺伝子はたまに、重複によって「産まれ」、偽遺伝子化によって「死んで」いくが、特に積極的に互いの類似性を保つメカニズムは働かない。

私が思うに、どちらのモデルも「両極端」で、どちらか（あるいはその両方）だけで

ゲノム上のすべての遺伝子族を記述（あるいは分類）するのは乱暴だと思う。

実際には、（直列反復型に限ったとしても、）

それらの「中間的な」振る舞いをする遺伝子族が数多く（あるいは圧倒的に多く）存在するだろうと予測する。

そもそも、ゲノム中の様々な遺伝子族は、

重複コピー間の物理的距離、

重複コピー間の配列類似性の程度、

それが乗っているゲノム領域の安定性（例えば、組み替えホットスポットにある等）、

機能的な要因（例えば、配列が互いに似ている方が有利か、似てない方が有利か）、

等、

多数のパラメータ（あるいは要因）において、異なった値（あるいは性質）を有している筈であり、

これらが異なれば、当然、協調進化しやすいかどうか、も異なってくる。

従って、私は、

この2つの両極端なモデル、協調進化モデルとbirth(-and)-death モデル、を包含する

「**統一的な**」**遺伝子族進化モデル**を構築できないか？

とは（2010年前後から）常々思っていた。

理論的な観点からは、大抵、

両極端の「間」を定式化する（あるいはそれを解く）のは相当難しく、

それ故に誰もやりたがらないのであるが、

片方に他方の「味」をちょっと付け加える程度であれば、例えば摂動論の手法などが使えるかも知れない。

あるいは、

何らかの方法で2つのモデルを「**内挿**」して（線形内挿でも構わないが、もっと理にかなった方法があればその方が良い）、

無理やりコンピュータシミュレーション等を使って「解いて」しまう、

というのも、現在ならありかも知れない。

（この場合、恐らく、上記のパラメータ（あるいは要因）を全て勘案した**一つの要約的パラメータ**

（「協調性」(concertedness) とでも名付けようか）を使って2つが結びつけられる。）

しかしながら、（ゲノムデータという）「現実」を見ずに、理論的モデルだけで遊んでいても不健全なので、

結局は、

実際のゲノム中の遺伝子族の進化の様子を（遺伝子変換等も考慮した進化解析で）調べ、

その協調進化の程度と上記のパラメータ（あるいは要因）の間の相関を調べ上げて、

最終的に一つの「**経験的な**」(empirical) **遺伝子族進化モデル（の族）**に落とし込み、

それを参考に理論的なモデルを構築する、

のが理想なのかも知れない。

いずれにせよ、私の持論としては、

この、ゲノムデータが豊富に手に入る時代に於いて、

一つのモデルや説に拘泥して、それに合う様なデータ（あるいは対象）だけを集めて来て他人に見せて、

自説を主張（あるいは「ゴリ押し」）する、

といった「旧来のやり方」は、もういい加減、「卒業」した方がいいのではないか？

この分野の研究者（科学者）達は、

（しっかりした実験結果等の）「現実」から目を逸らさず、

自らの理論や手法の不備は素直に認め、

（「敵」も含め）お互いをもっと尊重しあうべきなのである。

（ただし、「現実」をまったく見つめようとしなくて「白屋夢」ばかり見ている輩に関しては、その限りではない。）

、、、自分の仕事を何でもかんでも「ゴリ押し」し、相手の上げ足を取ってばかりいては、科学は正しい方向には発展しない。

いずれにせよ、

この（理論的あるいは経験的）遺伝子族進化モデル構築に関しても、

他のやることで手一杯で、取り組むことは出来なかった。

誰か意欲ある人達に取り組んで頂けたら幸いである。

<< **自分にもっと実力があつたら挑戦してみたかった事（ある種の「夢」）** >>

私が、幾つもの研究をバリバリこなせる様な、もっと有能な人間だったならば、

以下に掲げる様な、もっと「野心的な」研究にも挑戦してみたかった。

< **生物学を経験的&統一的に記述する「熱力学みたいな何か」の構築** >

こういう事を言うと、生物学（出身）の方々は大概「カチン！」と来るのであるが、

私が思うにそれは、

（物理学の一つの「柱」である）「**熱力学**」という**言葉**に強く（アレルギー的な）反応しているだけであり、

私がこう言った「真意」が解ってない（あるいは解ろうともしない）からである。

以下、「**真意**」について説明するので、お付き合い頂けたら有難い。

私は、別に、

（物理学の一つの「柱」として既に成立している）熱力学を用いて
生命現象（の全てあるいはほとんど）を「統一的に」記述しよう、
等という「白昼夢」を語っている訳ではない。
（私が理解するに、その様な「無謀な試み」は、既に多くの人々が取り組み、失敗（挫折）した。）

[
一応、誤解なき様に断っておくと、私は、
生物学における熱力学（or 統計物理学）の果たす役割自体は非常に大切だとっており、
特に、（生物に特徴的な）「高濃度の」「非平衡」「開放系」の熱力学（or 統計物理学）の開発&改良は必須だと思っている。
しかし、もう一方で私は、それだけでは不十分だと云うことも十分わきまえているつもりである。（次項目も参照）
]

私はここで、「熱力学」を単に比喩として使っただけである。

私の「真意」を理解して頂く為には、
「熱力学とは何ぞや？」に関して（数学的にではなく、その歴史的意義として）分かってもらう必要がある。

私の理解が正しければ、熱力学とは、
産業革命の進展とともに出現&発展した蒸気機関などの外燃機関やエンジンなどの内燃機関などの
性能や効率を向上させようと言う種々雑多な工学的な努力や知識、経験、コツ等を集めて来て、
それらを最終的に、2つの基本法則、即ち、
熱力学第一法則（＝エネルギー保存則）と熱力学第二法則（＝エントロピー増大の法則（およびエントロピーと熱との関係））、
を「糸」にを使って、美しい数学的体系にまとめあげた、
究極の「経験的現象論」である。
（「現象論」と言っている所以は、その対象の内部構造等は問題にせず、ただ、「性質」「振る舞い」のみを記述した点にある。）

[そして、その数学的体系が、Boltzmannの「等重率の原理」等と共に、
後に統計物理学（ここで初めて内部構造等も問題となる）が成立する土台となる。]

（私は18、9世紀のイギリスに住んでいた訳ではないので、あくまでも想像でしかないが、）
私の予感では、
産業革命のさなかの「熱力学成立前夜」の状況と、
現在の（分子生物学およびゲノム科学に基づく）生命科学を巡る状況は、よく似ているのではないか、と感じる。
ここ十年程で、どんどん生命あるいは医学に関する新しいテクノロジーが開発され、
昔（10～20年前）には想像もできなかった事ができる様になり、
まさに、（まだ良く分かっていない「基本原理（あるいは法則）」を「糸」にして）
生命科学（の種々雑多な知識、経験等）を一つの「経験的現象論」にまとめ上げる「機」は、
実は既に熟しているのかも知れない。

ただ、今の私には、その「基本原理（あるいは法則）」とは何なのか？ はよく分からない。

確かに、分子生物学のセントラルドグマ [DNA →(転写)→ RNA →(翻訳)→ タンパク質]
が大事なものは云うまでもないし、
DNA二重らせんの半保存的複製が、変異、そして進化の源であることも（少なくとも頭では）理解しているし、
また、Anfinsenのドグマ（遺伝子コード領域を翻訳してできたアミノ酸配列は勝手に丸まって機能できる立体構造を取る、という原理）
が生命に不可欠なもの分かってはいる（し、進化的な観点からも理にかなっていると思う）。

しかし、これらは全て、数十年前（あるいは半世紀前？）には既に知られていた事であるが、
これらが分かっていたからと言って、「経験的現象論」が既に成立している、とはとても言い難い。
（（私の理解が正しければ、）どんなにテクノロジーが進んでも、
生命科学では未だ「試行錯誤」が主流であり、成功率が数十%もあればそれは奇跡的である；
言い換えれば、天気予報程の予測すら、まだ不可能なのだ！）

まだ、「決定的な何か」が欠けているのかも知れないし、
あるいは、「生命科学の統一的現象論」は、もう少し多くの「基本原理（あるいは法則）」を土台にしているのかも知れない。
（要するに、（少なくとも私には、）この「現象論」については、まだ何も分かっていない。）

[
ちなみに、関係あるかどうか分からないが、確かあれは私がまだ名古屋大にいた頃（1999.4～2002.6）、

タンパク質の立体構造（折りたたみ（fold）？）の「周期表」なるものを提案する論文が（確か Nature か Science に）あった。化学における元素の周期表には、その「裏」に、量子力学における（原子核周りの）電子軌道という「**（基本的な）原因**」があった。

もし、そのタンパク質の立体構造の「周期表」が本当に意味あるものだとしたら、その「裏」にも何か「**（基本的な）原因**」（そしてそれを与える基本的理論）があるのだろうか？

]

[

（上記以外で）地球上の全ての生物を通じて共通した原理の一つとして、「**進化の原理**」が挙げられるかも知れない。何故なら、現存する地球上の全生物は、共通祖先から進化を積み重ねて今日に至った（と考えられている）からだ。

最近よく問題になるのは「**自然淘汰（適者生存）**」か「**中立進化（偶然生存）**」か？ということだが、私は中立進化説の提唱者の木村資生博士の考えをほぼ完全に支持し、

ゲノム配列等の分子進化の圧倒的多数は淘汰的に中立な変異の蓄積によるが、長い歴史を見た趨勢としては生物種は（少なくとも当時の、その特定の環境においては）適応する方向に進化する、

というのが適当だろうと思っている。

（もちろん、集団遺伝学の知見として、小さな集団では淘汰の影響はより小さくなる（従って集団が小さ過ぎるとゲノムがどんどん劣化することもある）事などは理解している。）

また、どちらの説の信奉者にせよ、（少なくとも今では、）

「**負の淘汰**」つまり、「具合の悪い変異体は集団から除かれる」ことに関しては受け入れている筈である。

そして、この「負の淘汰」から、分子進化の重要な概念である「**機能的制約**」（functional constraint）、すなわち、機能的に大切な遺伝子ほど分子進化の速度が遅い事、が導かれる。

（これは、機能的に非常に大切な遺伝子は、適応度地形のいわば（少なくとも局所的な）「頂点」付近にあり、そこからどんな変異を受けても「具合が悪く」になってしまうからである。）

これら「**進化の原理**」により、ゲノム配列も進化を重ねて現在の形になっている訳だから、そういう観点で（多数の）近縁種のゲノムを比較すると、どの領域が（機能的制約を受けているので）機能的に重要で、（稀に）どの領域で正の淘汰が（頻繁に）起きているか、等が予測できる。

とは言え、確かに「**進化の原理**」は機能的な領域を同定および分類するには強力だが、それで「すべて」が予言できる訳でもないの、上記の「決定的な何か」までには至らず、せいぜい「多くの『基本原理（あるいは法則）』のひとつ」止まりであろうと思われる。

]

どうも、この問題に取り組むには、その様な観点から、過去（少なくとも数十年くらい）の生命科学に関する主だった文献を俯瞰的に眺めてみるが必要がありそうだ。
[この時点で、（一点集中型の）私には、到底無理そうだと分かる。]

人間がやるのには限界があるので、どうしてもコンピュータの助けが必要となるだろう。

特に、テキストマイニングあるいはテキスト処理の技術、および／もしくは

（今はやりの）AI を駆使したビッグデータ処理の技術、等は役に立ちそうである。

そうすれば、どういう要素が予測に必要なかは明らかになるかも知れない。

ただ、AI を使うと、（仮に精度よく予測できても）ブラックボックスになってしまいそうなのは気がかりである。人間というのは、「論理的思考をする生物」であるから、「予測」の裏にある「理由（論理）」が知りたいのであり、その意味でも、その「予測」の裏の論理を、数式で表した「法則」に落とし込むことが望ましい。（あるいは、電磁気学の様に、複数の数式からなる方程式系でも構わない。）

[

（私の経験上、数学の苦手な人々は特に数式を侮る傾向にある様に思うが、）

数学の力を侮ってはいけない：

折り紙だって、紐（ひも）の結び方や髪の毛の編み方だって、数学で記述（あるいは分類）できるのだ！

おおよそ、何かの「実体」と数が結びつけば、それは数学の対象となる。

今も、生命現象（あるいは実験結果）の確率（あるいは頻度）を論じる訳だから、それは立派な数学の対象だ。

とは言え、
既存の数学（的技術や理論）でそれが十分に記述できるかどうかは分からない。
しかしながら、
いかなる既存の数学理論でも不十分（あるいは不可能）であっても、それは決して「数学的記述が不可能」なことは意味しない。
何故なら、
（それに適した）**新たな数学的理論的枠組み**を構築すれば良いだけだからだ！！
（既存の物を「使えない！」と文句ばかり言って何もしない者に、重大な発見／発明（breakthrough）は果たせない。）
]

と言う訳で、
この問題に取り組むには、（問題意識を共有した）
テキストマイニング（あるいはビッグデータ）関係が得意な（AIも含めた）ITの専門家と
（自由に、しかし厳密に、新たな数学理論を構築できる様な）柔軟な頭を持った数学の専門家がタッグを組む必要があるだろう。

ただ、「（当初もくろんでいた物は）何も得られない」リスクもありそうなので、その点は警告しておく。

< 物質&エネルギーと遺伝情報を結合させた非平衡開放系の「新しい物理学」 >

前項目よりもこちらの方がまだ具体性があるような気がするが、、、。

現在の物理学の区分で言えば、
生物（生命体）は、「非平衡」「開放系」であり、
その外部と内部を行き来する物質&エネルギーの盛んな流れ（代謝）が特徴である。
（ただし、局所的には「ほぼ平衡」（つまり、温度等の熱力学的量が定義（&測定）可能である）と聞いたこともある。）
もう一つ、生物（細胞）の内部は、タンパク質等の生体高分子がほぼぎっしりと詰まっている、「**高濃度系**」である、
と何かの本で学んだことがあった様な気がする。

従って、（前項目でも少し触れた様に、）
生命体の中の物質やエネルギーの振る舞いを正しく（あるいは適切に）記述するためには、
高濃度の非平衡開放系の熱力学（あるいは統計物理学）を構築&改良することが大切である、
のは紛れもない事実である。

[
こう言った取り組みでは、Prigogine 辺りが有名である。
ちなみに、私がまともに読んだ非平衡統計物理学の本は、
（（確か）“Self-Organization in Non-Equilibrium Systems”, by Prigogine, I & Nicolis, G (John Wiley & Sons, 1977)
を除くと、）
（恐らく）“Statistical Physics II: Nonequilibrium Statistical Mechanics”,
by Kubo, Ryogo, Toda, Morikazu, Hashitsume, Natsuki (Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 1991)
である。
（（今まで知らなかったが）どうやら、
『統計物理学 岩波講座 現代物理学の基礎（第2版）第5巻』湯川秀樹監修（岩波書店、東京、1978）
の英訳版の様である。）
その他、日本語の薄めの本を何冊か読んだ。
]

しかしながら、これだけでは「**片手落ち**」であることも、我々は良く知っている。
生物の振る舞い（「いつ」「（体、あるいは細胞中の）どこで」「何を」「どうする」か）は、かなりの部分、
ゲノム、
とりわけ、（ヌクレオソーム構造やメチル化等、エピジェネティクスの実体等により）
ある部分は活性化され、またある部分は非活性化された、ゲノム、
に刻まれた遺伝情報によって規定されているからだ。
遺伝情報は、発現したタンパク質のレパートリーのみならず、個々のタンパク質（や RNA）の立体構造や振る舞いまでも規定している。

私は、「**物質&エネルギー**」的側面と「**遺伝情報**」的側面は、生物（あるいは生命現象）を記述し論じる際の「**車の両輪**」の様なもの、
どちらが欠けてもそれは「不完全な生物像」を与えることになる、と思っている。
[
しばしば、どちらか一方の側面を異常に強調した説が出されることがあるが、
（偉そうなことを言って恐縮だが）私に言わせてもらえば、それは、
盲人が象の一部を手探りして「象とはこれこれこう言うものだ」と論じている様なものである。（< 確か仏教の説話が何かに基づ

く)

(ただし、

研究を進める為に、便宜上、どちらかの側面に集中することは致し方ないと思うし、
私自身も実際そうしてきた事は認める。)

]

[

現在となっては、遺伝情報の重要性はもはや「常識」のようになってしまっているが、

「物質&エネルギー」的側面の重要性は、以下の例からも分かるであろう。

例えば、ある生物のゲノム情報を読み取って、それをコンピュータに入力して、コンピュータ上で、
それを少しずつ「変化」（「変異」）させてそれがその生物の振る舞いに影響するかを調べる

「進化」シミュレーションをやったとしよう。

(あるいは、ゲノム自身は変化させずに、エピゲネティックな状態だけ変化させて発生（あるいは個体の一生）
のシミュレーションをしても良い。)

それがどんなに実際の生物の振る舞いを忠実かつ精巧に再現（あるいは反映）したとしても、

大方の人々は、それを「生物だ」とは思わないであろう。

何故なら、物理的実体が伴わず、また反応もあくまでも「仮想的」に過ぎないからだ。

つまり、**遺伝情報を物理的に実現する「場」**を提供する**物質&エネルギー**は、

(我々が実感として認識する)生物（あるいは生命現象）の存在には欠かせない、ということである。

(ただし、コンピュータウィルスを実際のウィルスと同等に扱うくらい

(私から見ると)「ぶっ飛んだ」感覚の持ち主にとっては、そうではないかも知れない；

このことは、将来、(「生物」あるいは「生命」の定義を巡る)状況が変わる可能性があることを暗示する。)

]

かつて、私の名古屋大時代の恩師は、この遺伝情報の効果を物理学（熱力学&統計物理学）に組み入れるために、
「付加価値エントロピー」なるものを導入した。

これは恐らく、Shannon の情報エントロピーが頭にあり、遺伝情報の量を物理量の様にして取り込もう、
という狙いがあったものと思われる。

遺伝情報を物理学に組み入れよう、という試みとしては、「付加価値エントロピー」はある程度評価できるが、

果たして、遺伝情報はその「量」だけが重要なのであろうか？

確かに遺伝情報量が大事になる事は多々あると思う。

例えば、細菌のゲノムは Mbp (つまり、百万塩基対) のオーダーだが、

脊椎動物のゲノムは Gbp (つまり、十億塩基対) のオーダーで、

情報エントロピーに換算すれば、約1000倍もの違いがあり、

従ってゲノム配列に書き込める潜在的な遺伝情報の量もそれだけの違いがあることになる。

[

しかしながら、実際には、細菌ゲノムでは、遺伝子がお互いに重なり合ってコードすることも有るくらい

「密に」書き込まれているが、脊椎動物のゲノム配列のほとんど(95%程度)は、

あまり意味のない「ゴミ」(junk)と見做されている(これに関しては反論もある様だが、、、)。

その為、実際に書き込まれている遺伝情報量としては、エントロピー換算でせいぜい10倍程度、と云うことになるうか、、、。

まあ、(脊椎動物も含めた)高等生物のゲノムの、その「遊び」こそが、進化による様々な「実験」を可能にした、
と考える人達もいる。

でもそれは、(実際には非常に多種多様で、かつ、(人間にはない)様々な能力を有した)細菌たちを見下した、

あまりにも一方的な「人間中心的な」見方(価値観)の様な気も、私にはする。

]

だから、少なくとも、

ゲノムに書き込める遺伝情報量の限界、そしてそれから生じる帰結(例えば細菌と高等生物の間の「決定的な」違い等)、
等を議論する際には、遺伝情報量(すなわちゲノムの持つ潜在的な情報エントロピー)を測ることに意味はありそうである。

とは言うものの、少なくとも今の私は、

ゲノムに書き込まれた遺伝情報で大事なものは、その量よりもむしろ、その内容そのものではないかと思う。

つまり、タンパク質やある種の RNA 等の機能高分子の「設計図」としての情報、

そして、それらが「いつ」「どこで」「どのように」発現するか、等の「諸命令」としての情報、
である。

(「これですべて尽きているのか？」と聞かれると、私にはよく分からないが、、、。)

これらを、例えば「物質&エネルギー」を記述する「現象論」としての(非平衡)熱力学と「結合」させて、

先ず、物質&エネルギーと遺伝情報を結合させた非平衡開放系の現象論

を構築したい。

まず、「たたき台」となるべく第一歩を定めたいので、できるだけ余計な要素を落とした単純な系を扱いたい。
従って、扱う生物は単細胞生物とし、更に、
（能動的に動くのは取り敢えず避けて、）ただ単にどこかに付着しているか、溶液中を（受動的に）漂っている生物とする。

[0] ここでの熱力学は、生命維持に必要な（および生命活動で生じた）多種類の物質のスープを扱う。
よって、物質の濃度、および（その共役変数の）化学ポテンシャル（chemical potential）が重要な役割を演じると思われる。

[1] ここで構築するのは現象論なので、遺伝情報も、あくまでも現象論的に扱う。

つまり、取り敢えず（物理的な意味での）DNAの二重らせん構造、クロマチン構造、エピゲネティック状態、etc.
および、DNA の塩基配列、は置いといて、

その遺伝情報の内容、つまり、
遺伝子産物（タンパク質や RNA）の機能、およびその（化学物質濃度などに依存した）発現様式
だけを取り出して、各遺伝子産物に一つのノードを与え、それら情報を付与する。

[2] これまでの知見に基づき、ノード間の相互作用を組み入れる。

例えば、遺伝子 A が遺伝子 B の転写（あるいは翻訳）に直接影響を与える場合、
あるいは、A が B を（リン酸化等の）化学修飾して、その活性を変化させる場合には、
A から B をつなげる（**有向**）エッジを与え、（強さ等の定量的なものも含め）その性格を明記する。
また、遺伝子 A の産物と遺伝子 B の産物が複合体を形成する際は、両者を結ぶ（**無向**）エッジをあたえ、
やはりその性格を明記する。

つまり、[1] [2] により、この「現象論」では、
ゲノムに書き込まれた「遺伝情報」が、遺伝子（産物）をノードとしたネットワークで表現されていることとなる。
[これも、私がかつて関わっていた（仮称）GGINP を彷彿させるが、
ネットワークに関する知識の多くは（仮称）GGINP で得たので、それは偶然ではないが、
私が（知らないうちに）（仮称）GGINP の提案者たちの意図をなぞったのかどうかは、定かではない。
（彼らからそう言う話を聞いた覚えはないし、彼らが私の様に「物理学的な」動機で GGINP を立ち上げたとも思えない。）]

（その他、細々とした設定も必要かも知れないが、）少なくとも大まかには、
一応これで「現象論」は定義でき、
（化学物質の濃度で定義できる）ある特定の「環境」の下での、
この「生物」の「振る舞い」（化学物質の濃度の変化で測れる）
がどうなるかは、
（各ノードの on/off を定めた）ネットワークの適当な「初期状態」を与えて
コンピュータシミュレーション（あるいは数値計算）すれば分かる。

このシミュレーションの結果と実際の実験結果を較べることにより、ネットワークの検証／洗練が可能になるかも知れない。

また、ゲノムの変異の影響も、ノードもしくはエッジの変化や欠損として捉えることが出来よう。
（特に、特定の遺伝子を欠いた「株」の振る舞いを調べることにより、ネットワークの更に精密な検証／洗練が可能になるう。
その様な「遺伝子欠損株」の体系的なセットは、例えば、大腸菌や出芽酵母で入手可能だった筈である。）

いずれにせよ、この様な解析は、
幾分、ビッグデータの扱いに似たところがあるかも知れないので、
手作業では到底無理で、高度な（AI も含めた）IT の技術が必要となる。

つまり、私には到底無理、ということになる。
誰か、この問題に興味ある IT が得意な物理学者にでもやって頂けたら幸いである。

[
ちなみに、これまで私によく分からなかったのは、
これが、最近もてはやされている（た？） **Systems Biology** と何が違うのか？
であったが、、、それに答えるべく、取り敢えず、簡単な Systems Biology の「定義」
（例えば、Systems biology - Wikipedia
や、Systems Biology as Defined by NIH | NIH Intramural Research Program）

を見てみると、
Systems Biology の「定義」自体、きっちりと決まっている訳ではなく「ブレ」があるようだが、
上記の「現象論」は、その「ブレ」の範囲内にスッポリと収まってしまいそうである。

、、、そうになったら、「違う」と言い張ってもそれは虚しいだけなので、この際、
「上記『現象論』は、Systems Biology の一種とみなす事も出来る」
と認めてしまうことにする。
(一旦認めてしまえば、そこ(例えば上記「定義」)で使われているテクノロジー(の一部)を、
目的に応じて適宜、「借用」することもできる。)

そして、それを認めてしまうと、次に、
「この『現象論』を他の Systems Biology 的アプローチと区別(差別化)するのは何か？」
が重要になるが、
それは恐らく「目標」(つまり、そもそも「目指している」ところ)にあると思う。

私が目指しているのは、あくまでも、
生物(生命現象)を、(既に長い間物理学の対象だった)「物質&エネルギー」的側面に
(これまで物理学の対象でなかった)「遺伝情報」的側面を結合させる(or 組み入れる)ことにより、
かなり一般的に(それでいて満足に)記述できる様な、物理学の一つの「新しい」(細)分野の構築、
であり、そして、
上記「現象論」はあくまでもその「目標」への第一歩(あるいは「たたき台」)であって、
(少なくとも現時点では)
(例えば) 特定の生命現象(例えば癌や免疫系等)の詳細な理解に焦点を当てたい訳ではない。

そして、「目標」が違えば、当然、「何をすべきか？」も違って来て、
使うツールの種類にも(重なりが多分にあるにせよ)特徴的な違いが生じて来よう。
]

この「現象論」について私が最も不満な点は、
(あまりにも複雑すぎて)一々コンピュータに「投げ」ないと、
答えが(あるいはその半定量的な予想さえも)分からない事である。
できれば、
(熱力学の様に、)コンピュータ等を経ずとも、ある程度の答えが分かるくらいにまで整理したい
(それは、もしかしたら、前項目でも述べた
「決定的な何か」もしくは複数の「基本原理(あるいは法則)」を同定する事と関わって来るのかも知れない)
のであるが、今の私の頭ではこれが限界である。

誰か意欲ある方々に挑戦して頂けたら有難い。

もう一つの懸念としては、
この「現象論」では、あまりにも「物質&エネルギー」と「遺伝情報」の扱いが不平等過ぎる様な気もする：
ここでは「遺伝情報」(を表現したネットワーク)が「主体」であり、
「物質&エネルギー」の役割は(あくまでも「環境」&「代謝産物」として)従属的である、、、様に見える。

しかし、もう少しよく考えてみると、実は、そうではない事が分かる。
何故なら、この「現象論」で「遺伝情報」を表現した遺伝子(産物)のネットワーク自体、
実は、タンパク質(or RNA)の折り畳み(folding)やその(元をたどれば物理化学的な)機能の発揮、
そしてそれらの間、あるいはそれらと DNA の間の物理化学的な相互作用によって実現されているからだ。
つまり、このネットワーク自体が既に、「遺伝情報」の「物質&エネルギー」による一種の「表現」と見做すことが出来るのだ！
[
(実際に実行するには非常に骨が折れそうだが、)その気になれば、
生物物理学の諸研究の成果なども、ノードやエッジの性格に組み込むことは可能であろう。
ただ、それをやり出すと、ますます「統一的描像」から離れる可能性があるので、注意が必要であるが、、、。
]

これを更に推し進めて、
個々の生体高分子の振る舞いにまで着目した「統計物理学の(遺伝情報を組み込んだ)拡張」に発展できるかどうか、
は興味深い問題ではあるが、
今は時期尚早過ぎる気がするのでこころ辺で止めておく。